

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
30. August 2001 (30.08.2001)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 01/62781 A2

(51) Internationale Patentklassifikation⁷: **C07K 14/415** (74) Anwalt: **BIEBERBACH, Andreas; BASF Aktiengesellschaft, 67056 Ludwigshafen (DE).**

(21) Internationales Aktenzeichen: **PCT/EP01/01720**

(22) Internationales Anmeldedatum:
16. Februar 2001 (16.02.2001)

(25) Einreichungssprache: **Deutsch**

(26) Veröffentlichungssprache: **Deutsch**

(30) Angaben zur Priorität:
100 09 002.8 25. Februar 2000 (25.02.2000) DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von US): **SUNGENE GMBH & CO. KGaA [DE/DE]; 06468 Gatersleben (DE).**

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): **HERBERS, Karin [DE/DE]; Am Hange 6, 06484 Quedlinburg (DE). BADUR, Ralf [DE/DE]; Von Eckenbrecher Weg 2, 38642 Goslar (DE). KUNZE, Irene [DE/DE]; Mühlenweg 11, 06466 Gatersleben (DE). SOMMER, Susanne [DE/DE]; Brechtstr. 8, 06484 Quedlinburg (DE). LEMKE, Rainer [DE/DE]; Halberstaedter Str. 14, 06484 Quedlinburg (DE). GEIGER, Michael [DE/DE]; Neuer Weg 15, 06484 Quedlinburg (DE).**

(81) Bestimmungsstaaten (national): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

(84) Bestimmungsstaaten (regional): ARIPO-Patent (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, TR), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Veröffentlicht:

— ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes, und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

(54) Title: HOMOGENITATE PHYTYL TRANSFERASE

(54) Bezeichnung: HOMOGENITATPHYTYLTRANSFERASE

(57) Abstract: The invention relates to nucleic acid sequences which code for a protein with homogenitase phytyl transferase activity, to the use of these nucleic acid sequences for producing transgenic organisms such as transgenic plants with an increased tocopherol and tocotrienol content, to a method for producing plants with an increased tocopherol and/or tocotrienol content, and to the transgenic plants themselves.

(57) Zusammenfassung: Die Erfindung betrifft Nukleinsäuresequenzen kodierend ein Protein mit Homogenitatphytyltransferase-Aktivität, die Verwendung der Nukleinsäuren zur Herstellung von transgenen Organismen, wie beispielsweise transgenen Pflanzen mit erhöhtem Gehalt an Tocopherolen und Tocotrienolen, ein Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Gehalt an Tocopherolen und/oder Tocotrienolen, sowie die transgenen Pflanzen selbst.

WO 01/62781 A2

The PTO did not receive the following items listed below.
PCT 2 of The Sequence listing

Homogentisatphytyltransferase

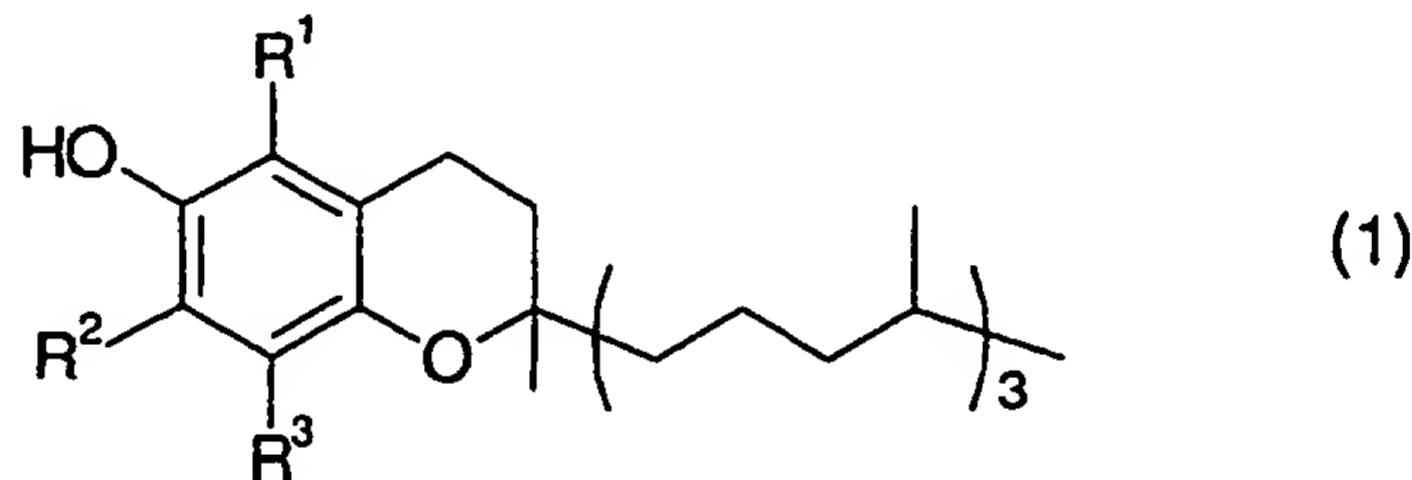
Beschreibung

5

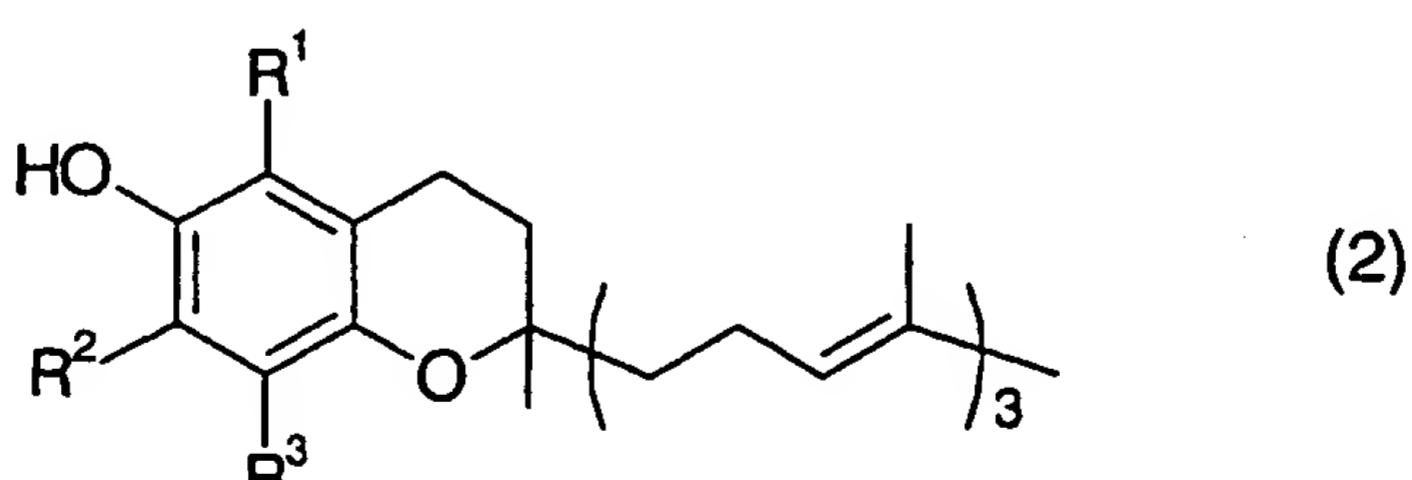
Die Erfindung betrifft Nukleinsäuresequenzen kodierend ein Protein mit Homogentisatphytyltransferase-Aktivität, die Verwendung der Nukleinsäuren zur Herstellung von transgenen Organismen, wie beispielsweise transgenen Pflanzen mit erhöhtem Gehalt an Tocopherolen und/oder Tocotrienolen, ein Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Gehalt an Tocopherolen und Tocotrienolen, sowie die transgenen Organismen, wie beispielsweise transgene Pflanzen selbst.

10 15 Die in der Natur vorkommenden acht Verbindungen mit Vitamin E-Aktivität sind Derivate des 6-Chromanols (Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Vol. A 27 (1996), VCH Verlagsgesellschaft, Chapter 4., 478-488, Vitamin E). Die Gruppe der Tocopherole (1a-d) weist eine gesättigte Seitenkette auf, die Gruppe 20 der Tocotrienole (2a-d) eine ungesättigte Seitenkette:

25

1a, α -Tocopherol: $R^1 = R^2 = R^3 = \text{CH}_3$ 30 1b, β -Tocopherol [148-03-8]: $R^1 = R^3 = \text{CH}_3$, $R^2 = \text{H}$ 1c, γ -Tocopherol [54-28-4]: $R^1 = \text{H}$, $R^2 = R^3 = \text{CH}_3$ 1d, δ -Tocopherol [119-13-1]: $R^1 = R^2 = \text{H}$, $R^3 = \text{CH}_3$

35



40

2a, α -Tocotrienol [1721-51-3]: $R^1 = R^2 = R^3 = \text{CH}_3$ 2b, β -Tocotrienol [490-23-3]: $R^1 = R^3 = \text{CH}_3$, $R^2 = \text{H}$ 2c, γ -Tocotrienol [14101-61-2]: $R^1 = \text{H}$, $R^2 = R^3 = \text{CH}_3$ 2d, δ -Tocotrienol [25612-59-3]: $R^1 = R^2 = \text{H}$, $R^3 = \text{CH}_3$

45

2

In der vorliegenden Erfindung werden unter Vitamin E alle acht vorstehend erwähnten Tocopherole und Tocotrienole mit Vitamin-E-Aktivität verstanden.

5 Diese Verbindungen mit Vitamin-E-Aktivität sind wichtige natürliche fett-lösliche Antioxidantien. Ein Mangel an Vitamin E führt bei Menschen und Tieren zu pathophysiologischen Situationen. Vitamin E-Verbindungen haben daher einen hohen wirtschaftlichen Wert als Zusatzstoffe im Food-. und Feed-Bereich, in pharmazeutischen Formulierungen und in kosmetischen Anwendungen.

10

Ein wirtschaftliches Verfahren zur Herstellung von Vitamin E-Verbindungen sowie Nahrungs- und Futtermittel mit erhöhtem Vitamin E-Gehalt sind daher von großer Bedeutung.

15 Besonders wirtschaftliche Verfahren sind biotechnologische Verfahren, die Proteine und Biosynthesegene der Tocopherol- bzw. Tocotrienol-Biosynthese aus Vitamin-E-produzierenden Organismen nutzen.

20 Abbildung 5 zeigt ein Biosyntheseschema von Tocopherolen und Tocotrienolen.

Im Verlauf der Biosynthese wird Homogentisinsäure (Homogentisat) 25 an Phytylpyrophosphat (PPP) bzw. Geranylgeranylpyrophosphat gebunden, um die Vorläufer von α -Tocopherol und α -Tocotrienol, das 2-Methyl-phytylhydrochinon bzw. das 2-Methyl-geranylgeranylhydrochinon zu bilden. Durch Methylierungsschritte mit S-Adenosyl-methionin als Methyl-Gruppen-Donor entsteht zunächst 2,3-Dimethyl-6-phytylhydrochinon, dann durch Zyklisierung γ -Tocopherol 30 und durch nochmalige Methylierung α -Tocopherol.

Katani et al., Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol, 1998, 49, 151 bis 157, beschreiben die genomische Gesamtsequenz des 35 Cyanobakteriums *Synechocystis* sp. PCC6803.

Über die Erhöhung des Metabolitflusses zur Steigerung des Tocopherol- bzw. Tocotrienolgehaltes in transgenen Organismen, beispielsweise in transgenen Pflanzen durch Überexpression einzelner 40 Biosynthesegene ist bisher wenig bekannt.

WO 97/27285 beschreibt eine Modifikation des Tocopherol-Gehaltes durch verstärkte Expression bzw. durch Herunterregulation des Enzyms p-Hydroxyphenylpyruvatdioxygenase (HPPD).

WO 99/04622 beschreibt Gensequenzen codierend für eine γ -Tocopherolmethyltransferase aus *Synechocystis PCC6803* und *Arabidopsis thaliana* und deren Einbau in transgene Pflanzen.

5 WO 99/23231 zeigt, daß die Expression einer Geranylgeranyl-Reductase in transgenen Pflanzen eine gesteigerte Tocopherol-biosynthese zur Folge hat.

Der Erfindung lag die Aufgabe zugrunde, ein weiteres Biosynthesegen des Vitamin-E-Biosyntheteweges und damit weitere vorteilhafte transgene Pflanzen mit erhöhtem Gehalt an Tocopherolen und Tocotrienolen zur Verfügung zu stellen.

Die Aufgabe wurde durch Auffinden von Nukleinsäuresequenzen, 15 codierend eine Homogentisatphytyltransferase und durch Überexpression des Homogentisatphytyltransferase-Gens in Pflanzen gelöst.

Dementsprechend betrifft die vorliegende Erfindung Proteine, 20 die die Aktivität einer Homogentisatphytyltransferase (HGPT) aufweisen, also die Fähigkeit Phytylpyrophosphat an Homogentisat zu binden, also beispielsweise eine enzymatische Aktivität zur Umwandlung von Homogentisat und Phytylpyrophosphat in 2-Methyl-phytylhydrochinon aufweisen.

25

Bevorzugte 2-Methyl-phytylhydrochinone sind 2-Methyl-6-phytylhydrochinon oder 2-Methyl-5-phytylhydrochinon. ; ;

Unter Homogentisatphytyltransferasen werden im folgenden die 30 erfindungsgemäßen Proteine verstanden.

Bevorzugte Proteine weisen die enzymatische Aktivität zur Umwandlung von Homogentisat und Phytylpyrophosphat in 2-Methyl-phytylhydrochinon auf und enthalten die Aminosäuresequenz SEQ ID NO. 2 35 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Homologie von mindestens 20 %, bevorzugt 40 %, vorzugsweise mindestens 60 %, bevorzugter mindestens 80 %, besonders bevorzugt mindestens 90 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO. 2 aufweist.

40

Weitere Beispiele für die erfindungsgemäßen Proteine lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen deren genomische Sequenz bekannt ist, wie beispielsweise aus *Arabidopsis thaliana* durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der SEQ ID. NO. 2 leicht auffinden.

4

Die erfindungsgemäßen Proteine können als Homogentisatphytyltransferasen verwendet werden.

Für alle erfindungsgemäßen Verwendungen der erfindungsgemäßen Proteine sind die bevorzugten Proteine bevorzugt.

5

Unter Substitution ist der Austausch einer oder mehrerer Aminosäuren durch eine oder mehrere Aminosäuren zu verstehen. Bevorzugt werden sog. konservative Austausche durchgeführt, bei denen die ersetzte Aminosäure eine ähnliche Eigenschaft hat wie die 10 ursprüngliche Aminosäure, beispielsweise Austausch von Glu durch Asp, Gln durch Asn, Val durch Ile, Leu durch Ile, Ser durch Thr.

Deletion ist das Ersetzen einer Aminosäure durch eine direkte Bindung. Bevorzugte Positionen für Deletionen sind die Termini 15 des Polypeptides und die Verknüpfungen zwischen den einzelnen Proteindomänen.

Insertionen sind Einfügungen von Aminosäuren in die Polypeptidkette, wobei formal eine direkte Bindung durch ein oder mehrere 20 Aminosäuren ersetzt wird.

Unter Homologie zwischen zwei Proteinen wird die Identität der Aminosäuren über die jeweils gesamte Proteinfülänge verstanden, die durch Vergleich mit Hilfe des Programmalgorithmus GAP 25 (UWGCG, University of Wisconsin, Genetic Computer Group) unter Einstellung folgender Parameter berechnet wird:

Gap Weight:	12
Length Weight:	4
30 Average Match:	2,912
Average Mismatch:	-2,003

Unter einem Protein, das eine Homologie von mindestens 20 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO.2 aufweist, 35 wird dementsprechend ein Protein verstanden, das bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO.2 nach obigen Programmalgorithmus mit obigem Parametersatz eine Homologie von mindestens 20 % aufweist.

40 Die erfindungsgemäßen Homogentisatphytyltransferasen sind in der Lage Homogentisatderivate und Phytylpyrophosphat-Derivate in 2-Methyl-Phytylhydrochinonderivate und/oder Homogentisatderivate und Geranyl-Geranyl-pyrophosphatderivate in 2-Methyl-geranyl-geranylhydrochinonderivate zu überführen.

45

5

Unter Homogentisatderivaten werden Homogentisat und davon abgeleitete Homogentisatverbindungen verstanden, die von den erfindungsgemäßen Homogentisatphytyltransferasen als Substrat akzeptiert werden.

5

Unter Phytylpyrophosphat-Derivaten werden Phytylpyrophosphat und davon abgeleitete Phytylpyrophosphatverbindungen verstanden, die von den erfindungsgemäßen Homogentisatphytyltransferasen als Substrat akzeptiert werden.

10

Unter 2-Methyl-Phytylhydrochinonderivaten werden dementsprechend die resultierenden Verbindungen der enzymatischen Umsetzung verstanden, wie beispielsweise 2-Methyl-Phytylhydrochinon und die entsprechenden abgeleiteten Verbindungen.

15

Bevorzugte 2-Methyl-phytylhydrochinonderivate sind Derivate des 2-Methyl-6-phytylhydrochinon oder 2-Methyl-5-phytylhydrochinon.

Unter Geranyl-Geranyl-pyrophosphatderivaten werden Geranyl-
20 Geranyl-pyrophosphat und davon abgeleitete Geranyl-Geranyl-pyrophosphatverbindungen verstanden, die von den erfindungsgemäßen Homogentisatphytyltransferasen als Substrat akzeptiert werden.

25 Unter 2-Methyl-Geranylgeranylhydrochinonderivaten werden dementsprechend die resultierenden Verbindungen der enzymatischen Umsetzung verstanden, wie beispielsweise 2-Methyl-geranylgeranylhydrochinon und die entsprechenden abgeleiteten Verbindungen.

30 Bevorzugte 2-Methyl-Geranylgeranylhydrochinone sind 2-Methyl-6-Geranylgeranylhydrochinon oder 2-Methyl-5-Geranylgeranylhydrochinon.

Bevorzugte 2-Methyl-Geranylgeranylhydrochinonderivate sind
35 Derivate des 2-Methyl-6-Geranylgeranylhydrochinon oder 2-Methyl-5-Geranylgeranylhydrochinon.

Dementsprechend betrifft die Erfindung ein Verfahren zur Biotransformation, dadurch gekennzeichnet, daß man Homogentisat-
40 derivate und Phytylpyrophosphat-Derivate in 2-Methyl-Phytylhydrochinonderivate oder Homogentisatderivate und Geranyl-Geranyl-pyrophosphatderivate in 2-Methyl-geranylgeranylhydrochinonderivate in Gegenwart einer erfindungsgemäßen Homogentisatphytyltransferase überführt.

45

6

Die Biotransformation läßt sich prinzipiell mit ganzen Zellen, die das Enzym HGPT exprimieren oder Zellextrakten aus diesen Zellen oder aber mit aufgereinigter oder hochreiner HGPT durchführen. Die Homogentisatphytyltransferase kann dabei auch in freier oder in immobilisierter Form vorliegen.

Die erfindungsgemäßen Homogentisatphytyltransferasen können ferner zur Herstellung von Vitamin E verwendet werden. Der enzymatische Biosyntheseschritt Schritt der Homogentisatphytyl-
10 transferasen kann dabei in vitro oder wie nachstehend beschrieben in vivo, beispielsweise in transgenen Organismen, wie beispielsweise in transgenen Pflanzen erfolgen.

Dementsprechend betrifft die Erfindung ein Verfahren zur Herstellung von Vitamin E, dadurch gekennzeichnet, daß man Homogentisatderivate und Phytyl-Pyrophosphat-Derivate in 2-Methyl-Phytylhydrochinonderivate oder Homogentisatderivate und Geranyl-Geranyl-Pyrophosphatderivate in 2-Methyl-geranylgeranylhydrochinonderivate in Gegenwart erfindungsgemäßen Homogentisatphytyl-
20 transferase überführt.

Der Biosyntheseweg von Vitamin E bietet weiterhin Targetenzyme für die Entwicklung von Inhibitoren. Da sich nach heutigem Stand der Technik kein mit der Synechocystis HGPT identisches oder
25 ähnliches Enzym in humanen und tierischen Organismen befindet, ist davon auszugehen, daß Inhibitoren sehr spezifisch auf Pflanzen wirken.

Daher betrifft die Erfindung auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Homogentisatphytyltransferase als herbizides Target zum Auffinden von Inhibitoren der Homogentisatphytyltransferase.

Die HGPT ist ein Target für Herbicide. Um effiziente Hemmstoffe der HGPT finden zu können, ist es notwendig, geeignete Test-
35 systeme, mit denen Inhibitor-Enzym-Bindungsstudien durchgeführt werden können, zur Verfügung zu stellen. Hierzu wird beispielsweise die komplette cDNA-Sequenz der HGPT aus Synechocystis in einen Expressionsvektor (pQE, Qiagen) kloniert und in *E. coli* überexprimiert.

40

Das mit Hilfe der erfindungsgemäßen Expressionskassette exprimierte HGPT-Protein eignet sich besonders zur Auffindung von für die HGPT spezifischen Hemmstoffen.

45 Dementsprechend betrifft die Erfindung ein Verfahren zum Auffinden von Inhibitoren der Homogentisatphytyltransferase, dadurch gekennzeichnet, daß man die enzymatische Aktivität der Homogen-

tisatphytyltransferase in Gegenwart einer chemischen Verbindung misst und bei Erniedrigung der enzymatischen Aktivität im Vergleich zur nicht gehemmten Aktivität die chemische Verbindung einen Inhibitor darstellt.

5

Dazu kann die HGPT beispielsweise in einem Enzymtest eingesetzt werden, bei dem die Aktivität der HGPT in An- und Abwesenheit des zu testenden Wirkstoffs ermittelt wird. Aus dem Vergleich der beiden Aktivitätsbestimmungen lässt sich eine qualitative und 10 quantitative Aussage über das Hemmverhalten des zu testenden Wirkstoffes machen.

Mit Hilfe des erfindungsgemäßen Testsystems kann eine Vielzahl von chemischen Verbindungen schnell und einfach auf herbizide 15 Eigenschaften überprüft werden. Das Verfahren gestattet es, reproduzierbar aus einer großen Anzahl von Substanzen gezielt solche mit großer Wirkstärke auszuwählen, um mit diesen Substanzen anschließend weitere, dem Fachmann geläufige vertiefte Prüfungen durchzuführen.

20

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung sind deshalb herbizide Wirkstoffe, die mit dem oben beschriebenen Testsystem identifizierbar sind.

25 Die erfindungsgemäßen Homogentisatphytyltransferasen lassen sich, wie nachstehend beschrieben durch Genexpression der entsprechenden Nukleinsäuren, die diese Proteine kodieren, aus natürlichen oder genetisch veränderten Organismen herstellen.

30 Ein weiterer Gegenstand der Erfindung sind Nukleinsäuren, im folgenden Homogentisatphytyltransferase-Gene (HPGT-Gene) genannt, die die vorstehend beschriebenen erfindungsgemäßen Proteine kodieren.

35 Die Nukleinsäuresequenz kann beispielsweise eine RNA-, DNA- oder cDNA-Sequenz sein. Zur Insertion in ein Nukleinsäurekonstrukt, wie beispielsweise eine Expressionskassette, geeignete kodierende Sequenzen sind beispielsweise solche, die für eine HGPT kodieren und die dem Wirt die Fähigkeit zur Überproduktion von Toco- 40 pherolen und/oder Tocotrienolen verleihen.

Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

45 Bevorzugt werden dafür solche Codons verwendet, die entsprechend der Organismus spezifischen codon usage häufig verwendet werden. Die codon usage lässt sich anhand von Computerauswertungen

anderer, bekannter Gene des betreffenden Organismus leicht ermitteln.

Soll das Protein beispielsweise in einer Pflanze exprimiert werden, so ist es häufig vorteilhaft, die codon usage der Pflanze bei der Rückübersetzung zu verwenden.

Bevorzugte Nukleinsäuren codieren eine pflanzliche Homogentisatphytyltransferase oder eine Homogentisatphytyltransferase aus Cyanobakterien.

Eine besonders bevorzugte Nukleinsäure hat die Sequenz SEQ ID NO. 1. Diese Nukleinsäure stellt eine prokaryontische genomische DNA aus dem Cyanobakterium *Synechocystis* sp. PCC6803 dar, die die Homogentisatphytyltransferase der Sequenz SEQ ID NO. 2 codiert.

Alle vorstehend erwähnten Homogentisatphytyltransferase-Gene sind in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, Seite 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

Die Erfindung betrifft ferner die Verwendung der erfindungsgemäßigen HGPT oder der erfindungsgemäßigen HGPT-Gene zur Herstellung von Antikörpern.

Die Erfindung betrifft weiterhin Nukleinsäurekonstrukte, enthaltend eine der vorstehend beschriebenen, erfindungsgemäßigen Homogentisatphytyltransferase-Gene, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in prokaryontischen oder eukaryontischen Organismen gewährleisten.

Beispielsweise handelt es sich bei diesen regulatorischen Sequenzen um Sequenzen an die Induktoren oder Repressoren binden und so die Expression der Nukleinsäure regulieren. Zusätzlich zu diesen neuen Regulationssequenzen oder anstelle dieser Sequenzen kann die natürliche Regulation dieser Sequenzen vor den eigent-

lichen Strukturgenen noch vorhanden sein und gegebenenfalls genetisch verändert worden sein, so daß die natürliche Regulation ausgeschaltet und die Expression der Gene erhöht wurde. Das Nukleinsäurekonstrukt kann aber auch einfacher aufgebaut sein,
5 das heißt es werden keine zusätzlichen Regulationssignale vor die vorstehend erwähnten Homogentisatphytyltransferase-Gene inseriert und der natürliche Promotor mit seiner Regulation wird nicht entfernt. Stattdessen wird die natürliche Regulationssequenz so mutiert, daß keine Regulation mehr erfolgt und die Genexpression
10 gesteigert wird. Diese veränderten Promotoren können auch allein vor die natürlichen Gene zur Steigerung der Aktivität gebracht werden.

Das Nukleinsäurekonstrukt kann außerdem vorteilhafterweise auch
15 eine oder mehrere sogenannte "enhancer Sequenzen" funktionell verknüpft mit dem Promotor enthalten, die eine erhöhte Expression der Nucleinsäuresequenz ermöglichen. Auch am 3'-Ende der DNA-Sequenzen können zusätzliche vorteilhafte Sequenzen inseriert werden, wie weitere regulatorische Elemente oder Terminatoren.
20 Die vorstehend erwähnten Homogentisatphytyltransferase-Gene können in einer oder mehreren Kopien im Genkonstrukt enthalten sein.

Bevorzugt werden Nukleinsäurekonstrukte verwendet, die die
25 Expression des erfindungsgemäßen Homogentisatphytyltransferase-Gens in einer Wirtszelle ermöglichen, im folgenden auch Expressionskassette genannt.

Die Expressionskassetten beinhalten regulative Nukleinsäure-
30 sequenzen, welche die Expression der kodierenden Sequenz in der Wirtszelle steuern. Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform umfaßt eine Expressionskassette stromaufwärts, d.h. am 5'-Ende der kodierenden Sequenz, einen Promotor und stromabwärts, d.h. am 3'-Ende, ein Polyadenylierungssignal und gegebenenfalls weitere
35 regulatorische Elemente, welche mit der dazwischenliegenden kodierenden Sequenz für das homogentisatphytyltransferase-Gen funktionell verknüpft sind.

Unter einer funktionellen Verknüpfung versteht man die
40 sequentielle Anordnung von Promotor, kodierender Sequenz, Terminator und ggf. weiterer regulativer Elemente derart, daß jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der kodierenden Sequenz bestimmungsgemäß erfüllen kann. Die zur operativen Verknüpfung bevorzugten aber nicht darauf beschränkten
45 Sequenzen sind Targeting-Sequenzen zur Gewährleistung der subzellulären Lokalisation im Apoplasten, in der Vakuole, in Plastiden, im Mitochondrium, im Endoplasmatischen Retikulum (ER),

10

im Zellkern, in Ölkörperchen oder anderen Kompartimenten und Translationsverstärker wie die 5'-Führungssequenz aus dem Tabak-Mosaik-Virus (Gallie et al., Nucl. Acids Res. 15 (1987), 8693-8711).

5

Je nach nachstehend näher beschriebenen Wirtsorganismus oder Ausgangsorganismus der durch Einbringen der Expressionskassette in einen genetisch veränderten oder transgenen Organismus überführt wird, eignen sich verschiedene Regulationssequenzen.

10

Vorteilhafte Regulationssequenzen für die erfindungsgemäßen Nukleinsäurerekonstrukte, für das nachstehend beschriebene Verfahren zur Herstellung von Vitamin E und für die nachstehend beschrieben genetisch veränderten Organismen sind beispielsweise 15 in Promotoren wie cos-, tac-, trp-, tet-, trp-tet-, lpp-, lac-, lpp-lac-, lacIq-, T7-, T5-, T3-, gal-, trc-, ara-, SP6-, 1-PR- oder im 1-PL-Promotor enthalten, die vorteilhafterweise in gram-negativen Bakterien Anwendung finden.

20 Weitere vorteilhafte Regulationssequenzen sind beispielsweise in den gram-positiven Promotoren amy und SPO2, in den Hefe- oder Pilzpromotoren ADC1, MFa, AC, P-60, CYC1, GAPDH, TEF, rp28, ADH oder in den Pflanzenpromotoren CaMV/35S [Franck et al., Cell 21(1980) 285-294], PRP1 [Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 25 (1993)], SSU, OCS, leb4, usp, STLS1, B33, nos oder im Ubiquitin- oder Phaseolin-Promotor enthalten.

Für Pflanzen als genetisch veränderte Organismen ist als Promotor der Expressionskassette grundsätzlich jeder Promotor geeignet, 30 der die Expression von Fremdgenen in Pflanzen steuern kann.

Vorzugsweise verwendet man insbesondere einen pflanzlichen Promotor oder einen Promotor, der einem Pflanzenvirus entstammt. Insbesondere bevorzugt ist der CaMV 35S-Promotor aus dem Blumen-35 kohl-Mosaik-Virus (Franck et al., Cell 21 (1980), 285-294). Dieser Promotor enthält bekanntlich unterschiedliche Erkennungssequenzen für transkriptionale Effektoren, die in ihrer Gesamtheit zu einer permanenten und konstitutiven Expression des eingeführten Gens führen (Benfey et al., EMBO J. 8 (1989), 2195-2202). 40 Die Expressionskassette kann auch einen pathogen- oder chemisch induzierbaren Promotor enthalten, durch den die Expression des exogenen Homogentisatphytyltransferase-Gens in der Pflanze zu einem bestimmten Zeitpunkt gesteuert werden kann.

45 Derartige Promotoren wie z.B. der PRP1-Promotor (Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993), 361-366), ein durch Salizylsäure induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein durch Benzene-

11

sulfonamid-induzierbarer (EP-A 388186), ein durch Tetrazyklin-induzierbarer (Gatz et al., (1992) Plant J. 2, 397-404), ein durch Abscisinsäure-induzierbarer (EP-A 335528) bzw. ein durch Ethanol- oder Cyclohexanon-induzierbarer (WO 93/21334) Promotor 5 können beispielsweise verwendet werden.

Weiterhin sind insbesondere solche Promotoren bevorzugt, die die Expression in Geweben oder Pflanzenteilen sicherstellen, in denen beispielsweise die Biosynthese von Tocopherol bzw. dessen Vor- 10 stufen stattfindet oder in denen die Produkte vorteilhafterweise akkumuliert werden.

Insbesondere zu nennen sind Promotoren für die ganze Pflanze aufgrund konstitutiver Expression, wie beispielsweise der CaMV 15 Promotor, der OCS Promotor aus Agrobacterium (Octopin Synthase), der NOS Promotor aus Agrobacterium (Nopaline synthase), der Ubiquitin Promotor, Promotoren vakuolärer ATPase Untereinheiten oder der Promotor eines Prolin-reichen Proteins aus Weizen (Weizen WO 9113991)

20

Weiterhin insbesondere zu nennen sind Promotoren, die eine blatt-spezifische Expression gewährleisten. Zu nennen sind der Promotor der cytosolischen FBPase aus Kartoffel (WO9705900), der SSU Promotor (small subunit) der Rubisco (Ribulose-1,5-bisphosphat 25 carboxylase) oder der ST-LSI Promotor aus Kartoffel (Stockhaus et al., EMBO J. 8 (1989), 2445-245).

Weitere geeignete Promotoren sind beispielsweise

30 spezifische Promotoren für Knollen, Speicherwurzeln oder Wurzeln, wie beispielsweise der Patatin Promotor Klasse I (B33), der Promotor des Cathepsin D Inhibitors aus Kartoffel, der Promotor der Stärke Synthase (GBSS1) oder der Sporamin Promotor,

35 fruchtspezifische Promotoren, wie beispielsweise der frucht-spezifische Promotor aus Tomate (EP409625),

fruchtreifung-spezifische Promotoren, wie beispielsweise der fruchtreifung-spezifische Promotor aus Tomate (WO 9421794),

40

blütenspezifische Promotoren, wie beispielsweise der Phytoen Synthase Promotor (WO9216635) oder der Promotor des P-rr Gens (WO9822593) oder

45 spezifische Plastiden- oder Chromoplasten-Promotoren, wie beispielsweise der RNA-Polymerase Promotor (WO9706250) oder

12

Auch der Promotor der Phosphoribosylpyrophosphat Amidotransferase aus *Glycine max* (siehe auch Genbank Accession Nummer U87999) oder ein anderer Nodien-spezifischer Promotor wie in EP 249676 können vorteilhaft verwendet werden.

5

Prinzipiell können alle natürlichen Promotoren mit ihren Regulationssequenzen wie die oben genannten für das erfindungsgemäße Verfahren verwendet werden. Darüberhinaus können auch synthetische Promotoren vorteilhaft verwendet werden.

10

Beispielhaft kann die pflanzliche Expressionskassette in ein Derivat des Transformationsvektors pBin-19 mit 35s Promotor (Bevan, M., Nucleic Acids Research 12: 8711-8721 (1984)) eingebaut werden. Abbildung 2 zeigt ein Derivat des Transformationsvektors pBin -19 mit samenspezifischem Legumin B4-Promotor.

Die Expressionskassette kann beispielsweise einen samenspezifischen Promotor (bevorzugt den Phaseolin-Promotor (US 5504200), den USP- (Baumlein, H. et al., Mol. Gen. Genet. 20 (1991) 225 (3), 459-467), den Bce4-Gen Promotor aus *Brassica* (WO 9113980) oder LEB4-Promotor (Fiedler und Conrad, 1995)), das LEB4-Signalpeptid, das zu exprimierende Gen und ein ER-Retentionssignal enthalten.

25 Die Herstellung einer Expressionskassette erfolgt beispielsweise durch Fusion eines geeigneten Promotors mit einer geeigneten HGPT-DNA Sequenz und vorzugsweise einer zwischen Promotor und HGPT-DNA-Sequenz inserierten DNA, die für ein chloroplasten-spezifisches Transitpeptid kodiert, sowie einem Polyadenylierungssignal nach gängigen Rekombinations- und Klonierungstechniken, wie sie beispielsweise in T. Maniatis, E.F. Fritsch und J. Sambrook, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1989) sowie in T.J. Silhavy, M.L. Berman und L.W. Enquist, Experiments with 30 Gene Fusions, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1984) und in Ausubel, F.M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing Assoc. and Wiley-Interscience 35 (1987) beschrieben sind.

40 Insbesondere bevorzugt sind Sequenzen, die ein Targeting in den Plastiden gewährleisten.

Es können auch Expressionskassetten verwendet werden, deren DNA-Sequenz beispielsweise für ein HGPT-Fusionsprotein kodiert, 45 wobei ein Teil des Fusionsproteins ein Transitpeptid ist, das die Translokation des Polypeptides steuert. Bevorzugt sind für die Chloroplasten spezifische Transitpeptide, welche nach Trans-

13

lokation des HGPT-Gens in die Chloroplasten vom HGPT-Teil enzymatisch abgespalten werden. Insbesondere bevorzugt ist das Transitpeptid, das von der plastidären Nicotiana tabacum Transketolase oder einem anderen Transitpeptid (z.B. dem Transitpeptid 5 der kleinen Untereinheit der Rubisco oder der Ferredoxin NADP Oxidoreduktase als auch der Isopentenylpyrophosphat Isomerase-2) oder dessen funktionellem Äquivalent abgeleitet ist.

Besonders bevorzugt sind DNA-Sequenzen von drei Kassetten des 10 Plastiden-Transitpeptids der plastidären Transketolase aus Tabak in drei Leserastern als KpnI/BamHI Fragmente mit einem ATG-Codon in der NcoI Schnittstelle:

pTP09

15

KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTCACTCTCTCAAGCTATCCTCTCGTTCTGTC
CCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTCAACTTCCCCTTCTCTCACTTTTCCGGCCTTAA
ATCCAATCCAATATCACCACCTCCGCCCGTACTCCTCCTCCGCCGCCGCCGTGCG
TAAGGTACCGGCGATT CGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAA
ACTGAGACTGCGGGGA
20 TCC_BamHI

pTP10

KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTCACTCTCTCAAGCTATCCTCTCGTTCTGTC
25 CCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTCAACTTCCCCTTCTCTCACTTTTCCGGCCTTAA
ATCCAATCCAATATCACCACCTCCGCCCGTACTCCTCCTCCGCCGCCGCCGTGCG
TAAGGTACCGGCGATT CGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAA
ACTGAGACTGCGCTG
GATCC_BamHI

30 pTP11

KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTCACTCTCTCAAGCTATCCTCTCGTTCTGTC
CCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTCAACTTCCCCTTCTCTCACTTTTCCGGCCTTAA
ATCCAATCCAATATCACCACCTCCGCCCGTACTCCTCCTCCGCCGCCGCCGTGCG
35 TAAGGTACCGGCGATT CGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAA
ACTGAGACTGCGGGG
ATCC_BamHI

Die inserierte Nukleotid-Sequenz kodierend für eine HGPT kann synthetisch hergestellt oder natürlich gewonnen sein oder eine 40 Mischung aus synthetischen und natürlichen DNA-Bestandteilen enthalten, sowie aus verschiedenen heterologen HGPT-Genabschnitten verschiedener Organismen bestehen. Im allgemeinen werden synthetische Nukleotid-Sequenzen mit Kodons erzeugt, die von Pflanzen bevorzugt werden. Diese von Pflanzen bevorzugten 45 Kodons können aus Kodons mit der höchsten Proteinhäufigkeit bestimmt werden, die in den meisten interessanten Pflanzenspezies exprimiert werden. Bei der Präparation einer Expressionskassette

14

können verschiedene DNA-Fragmente manipuliert werden, um eine Nukleotid-Sequenz zu erhalten, die zweckmäßigerweise in der korrekten Richtung liest und die mit einem korrekten Leseraster ausgestattet ist. Für die Verbindung der DNA-Fragmente mit 5 einander können an die Fragmente Adaptoren oder Linker angesetzt werden.

Zweckmäßigerweise können die Promotor- und die Terminator-Regionen in Transkriptionsrichtung mit einem Linker oder Poly-linker, der eine oder mehrere Restriktionsstellen für die 10 Insertion dieser Sequenz enthält, versehen werden. In der Regel hat der Linker 1 bis 10, meistens 1 bis 8, vorzugsweise 2 bis 6 Restriktionsstellen. Im allgemeinen hat der Linker innerhalb der regulatorischen Bereiche eine Größe von weniger als 100 bp, 15 häufig weniger als 60 bp, mindestens jedoch 5 bp. Der Promotor kann sowohl nativ bzw. homolog als auch fremdartig bzw. heterolog zur Wirtspflanze sein. Die Expressionskassette beinhaltet in der 5'-3'-Transkriptionsrichtung den Promotor, eine DNA-Sequenz die für ein HGPT-Gen codiert und eine Region für die transkriptionale 20 Termination. Verschiedene Terminationsbereiche sind gegeneinander beliebig austauschbar.

Ferner können Manipulationen, die passende Restriktionsschnittstellen bereitstellen oder die überflüssige DNA oder Restriktionschnittstellen entfernen, eingesetzt werden. Wo Insertionen, Deletionen oder Substitutionen wie z.B. Transitionen und Transversionen in Frage kommen, können *in vitro*-Mutagenese, "primer-repair", Restriktion oder Ligation verwendet werden. Bei geeigneten Manipulationen, wie z.B. Restriktion, "chewing-back" 30 oder Auffüllen von Überhängen für "bluntends", können komplementäre Enden der Fragmente für die Ligation zur Verfügung gestellt werden.

Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind pflanzliche Poly- 35 adenylierungssignale, vorzugsweise solche, die im wesentlichen T-DNA-Polyadenylierungssignale aus Agrobacterium tumefaciens, insbesondere des Gens 3 der T-DNA (Octopin Synthase) des Ti-Plasmids pTiACH5 entsprechen (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984), 835 ff) oder funktionelle Äquivalente.

40 Vorzugsweise wird die fusionierte Expressionskassette, die für ein HGPT-Gen kodiert, in einen Vektor, beispielsweise pBin19, kloniert, der geeignet ist, Agrobacterium tumefaciens zu transformieren. Mit einem solchen Vektor transformierte Agrobakterien 45 können dann in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen, insbesondere von Kulturpflanzen, wie z.B. von Tabakpflanzen, verwendet werden, indem beispielsweise verwundete Blätter oder

15

Blattstücke in einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden. Die Transformation von Pflanzen durch Agrobakterien ist unter anderem bekannt aus F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15-38. Aus den transformierten Zellen der verwundeten Blätter bzw. Blattstücke können in bekannter Weise transgene Pflanzen regeneriert werden, die ein in die Expressionskassette integriertes Gen für die Expression eines HGPT-Gens enthalten.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäurekonstrukte können zur Herstellung von genetisch veränderten Organismen verwendet werden. Die Herstellung der genetisch veränderten Organismen erfolgt durch Transformation der Wirtsorganismen, im folgenden auch Ausgangsorganismen bezeichnet, mit einem das HGPT-Gen enthaltenden Konstrukt.

Unter Ausgangs- oder Wirtsorganismen werden prokaryontische oder eukaryontische Organismen, wie beispielsweise Mikroorganismen, Moose oder Pflanzen verstanden. Bevorzugte Mikroorganismen sind Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze.

Bevorzugte Bakterien sind Bakterien der Gattung Escherichia, Erwinia, Agrobacterium, Flavobacterium, Alcaligenes oder Cyano-bakterien der Gattung Synechocystis.

Bevorzugte Hefen sind Candida, Saccharomyces, Hansenula oder Pichia.

Bevorzugte Pilze sind Aspergillus, Trichoderma, Ashbya, Neurospora, Fusarium oder weitere in Indian Chem Engr. Section B. Vol 37, No 1,2 (1995) auf Seite 15, Tabelle 6 beschriebene Pilze.

Bevorzugte Algen sind Grünalgen, wie beispielsweise Algen der Gattung Haematococcus, Phaeodactylum tricornutum, Volvox oder Dunaliella.

Die Erfindung betrifft einen genetisch veränderten Organismus, wobei die genetische Veränderung die Genexpression einer erfindungsgemäßen Nukleinsäure gegenüber einem Wildtyp

für den Fall, daß der Ausgangsorganismus eine erfindungsgemäße Nukleinsäure enthält, erhöht oder

für den Fall, daß der Ausgangsorganismus eine erfindungsgemäße Nukleinsäure nicht enthält, verursacht.

16

Die transgenen Organismen, enthaltend das erfindungsgemäße HGPT-Gen sind in der Lage Homogentisatderivate und Phytolpyrophosphat-Derivate in 2-Methyl-Phytolhydrochinonderivate und/oder Homogen-tisatderivate und Geranyl-Geranyl-pyrophosphatderivate in
5 2-Methyl-geranylgeranylhydrochinonderivate zu überführen.

Diese Organismen können beispielsweise zur vorstehend beschriebenen Biotransformation verwendet werden.

10 Transgene Organismen, enthaltend ein exogenes erfindungsgemäßes HGPT-Gen, die bereits als Ausgangsorganismen die Biosynthesegene zur Herstellung von Vitamin E besitzen, wie beispielsweise Pflanzen oder weitere photosynthetisch aktive Organismen wie beispielsweise Cyanobakterien, Moose oder Algen, weisen einen
15 erhöhten Gehalt an Tocopherolen und/oder Tocotrienolen im Vergleich zum jeweiligen Wildtyp auf.

Die Erfindung betrifft daher einen solchen erfindungsgemäßen, genetisch veränderten Organismus, der gegenüber dem Wildtyp
20 einen erhöhten Vitamin E-Gehalt aufweist.

Die vorliegende Erfindung betrifft ferner die Verwendung der erfindungsgemäßen HGPT oder der erfindungsgemäßen HGPT-Gene zur Herstellung von Vitamin E in transgenen Organismen.

25 Erfindungsgemäße, genetisch veränderte Organismen, vorzugsweise Pflanzen die gegenüber dem Wildtyp einen erhöhten Vitamin E-Gehalt aufweisen können zur Herstellung von Vitamin E verwendet werden.

30 Daher betrifft die vorliegende Erfindung auch Verfahren zur Herstellung von Vitamin E indem man einen erfindungsgemäßen genetisch veränderte Organismus, vorzugsweise eine erfindungs-gemäß genetisch veränderte Pflanze, der gegenüber dem Wildtyp
35 einen erhöhten Vitamin E-Gehalt aufweist kultiviert, den Organismus erntet und die Vitamin-E-Verbindungen anschließend aus dem Organismus isoliert.

Von Menschen und Tieren verzehrbarer erfindungsgemäße, genetisch
40 veränderte Pflanzen mit erhöhtem Vitamin-E-Gehalt können auch beispielsweise direkt oder nach an sich bekannter Aufbereitung als Nahrungsmittel oder Futtermittel verwendet werden.

Zur Herstellung von Organismen mit einem erhöhten Vitamin
45 E-Gehalt (Tocopherole und/oder Tocotrienole) im Vergleich zum Wildtyp werden in einer bevorzugten Ausführungsform Pflanzen

als Ausgangsorganismen und dementsprechend auch als genetisch veränderte Organismen verwendet.

Bevorzugte Pflanzen sind beispielsweise Tagetes, Sonnenblume,
5 Arabidopsis, Tabak, Roter Pfeffer, Soja, Tomate, Aubergine, Paprika, Möhre, Karotte, Kartoffel, Mais, Salate und Kohlarten, Getreide, Alfalfa, Hafer, Gerste, Roggen, Weizen, Triticale, Hirse, Reis, Luzerne, Flachs, Baumwolle, Hanf, Brassicacaen wie beispielsweise Raps oder Canola, Zuckerrübe, Zuckerrohr, Nuß- und
10 Weinspezies oder Holzgewächse wie beispielsweise Espe oder Eibe.

Besonders bevorzugt sind Arabidopsis thaliana, Tagetes erecta, Brassica napus, Nicotiana tabacum, Canola, Kartoffeln sowie Ölsaaten, wie beispielsweise Soja.

15 Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur Herstellung von genetisch veränderten Organismen in dem man eine erfindungsgemäße Nukleinsäure oder ein erfindungsgemäßes Nukleinsäurekonstrukt in das Genom des Ausgangsorganismus einführt.

20 Zur Transformation eines Wirtsorganismus, wie beispielsweise einer Pflanze, mit einer für eine HGPT kodierenden DNA wird eine Expressionskassette als Insertion in einen rekombinanten Vektor eingebaut, dessen Vektor-DNA vorzugsweise zusätzliche
25 funktionelle Regulationssignale, beispielsweise Sequenzen für Replikation oder Integration enthalten kann.

Geeignete Vektoren für Pflanzen sind unter anderem in "Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology" (CRC Press), Kap. 6/7,
30 S. 71-119 (1993) beschrieben.

Unter Verwendung der oben zitierten Rekombinations- und Klonierungstechniken können die Expressionskassetten in geeignete Vektoren kloniert werden, die ihre Vermehrung, beispielsweise in
35 E. coli, ermöglichen. Geeignete Klonierungsvektoren sind u.a. pBR332, pUC-Serien, M13mp-Serien und pACYC184. Besonders geeignet sind binäre Vektoren, die sowohl in E. coli als auch in Agrobakterien replizieren können.

40 Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft die Verwendung einer Expressionskassette enthaltend eine DNA-Sequenz SEQ-ID Nr. 1 oder eine mit dieser hybridisierende DNA-Sequenz zur Transformation von Pflanzen, -zellen, -geweben oder Pflanzenteilen. Vorzugsweise ist Ziel der Verwendung die Erhöhung des
45 Gehaltes an Tocopherolen und/oder Tocotrienolen der Pflanze.

Dabei kann je nach Wahl des Promotors die Expression spezifisch in den Blättern, in den Samen, Blütenblättern oder anderen Teilen der Pflanze erfolgen. Solche transgenen Pflanzen, deren Vermehrungsgut, sowie deren Pflanzenzellen, -gewebe oder -teile
5 sind ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Expressionskassette kann darüberhinaus auch zur Transformation von Bakterien, Cyanobakterien, Hefen, filamentösen Pilzen, Moosen und Algen mit dem Ziel einer Erhöhung des Gehaltes
10 an Tocopherolen und/oder Tocotrienolen eingesetzt werden.

Die Übertragung von Fremdgenen in das Genom einer Pflanze wird als Transformation bezeichnet. Es werden dabei die beschriebenen Methoden zur Transformation und Regeneration von Pflanzen aus
15 Pflanzengeweben oder Pflanzenzellen zur transienten oder stabilen Transformation genutzt. Geeignete Methoden sind die Protoplastentransformation durch Polyethylenglykol-induzierte DNA-Aufnahme, das biolistische Verfahren mit der Genkanone – die sogenannte particle bombardment Methode, die Elektroporation, die Inkubation
20 trockener Embryonen in DNA-haltiger Lösung, die Mikroinjektion und der durch Agrobacterium vermittelte Gentransfer. Die genannten Verfahren sind beispielsweise in B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic
25 Press (1993), 128-143 sowie in Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225) beschrieben. Vorzugsweise wird das zu exprimierende Konstrukt in einen Vektor kloniert, der geeignet ist, Agrobacterium tumefaciens zu transformieren, beispielsweise pBin19 (Bevan et al., Nucl. Acids Res.
30 12 (1984), 8711).

Mit einer Expressionskassette transformierte Agrobakterien können ebenfalls in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen verwendet werden, z.B. indem verwundete Blätter oder Blattstücke in
35 einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.

Erhöhung des Gehaltes an Tocopherolen oder Tocotrienolen bedeutet im Rahmen der vorliegenden Erfindung die künstlich erworbene
40 Fähigkeit einer erhöhten Biosyntheseleistung dieser Verbindungen durch funktionelle Überexpression eines erfindungsgemäßen HGPT-Gens in der Pflanze gegenüber der nicht gentechnisch modifizierten Pflanze.

Dabei kann sowohl der Gehalt an Tocopherolen oder Tocotrienolen gesteigert werden. Vorzugsweise wird der Gehalt an Tocopherolen gesteigert. Aber es ist auch möglich unter bestimmten Bedingungen vorzugsweise den Gehalt an Tocotrienolen zu steigern.

5

Der Biosyntheseort von Tocopherolen beispielsweise ist unter anderem das Blattgewebe, so daß eine blattspezifische Expression des HGPT-Gens sinnvoll ist. Es ist jedoch naheliegend, daß die Tocopherol-Biosynthese nicht auf das Blattgewebe beschränkt sein 10 muß, sondern auch in allen übrigen Teilen der Pflanze - besonders in fetthaltigen Samen - gewebespezifisch erfolgen kann.

Darüberhinaus ist eine konstitutive Expression des exogenen HGPT-Gens von Vorteil. Andererseits kann aber auch eine induzierbare 15 Expression wünschenswert erscheinen.

Die Wirksamkeit der Expression des transgen exprimierten HGPT-Gens kann beispielsweise *in vitro* durch Sproßmeristemvermehrung ermittelt werden. Zudem kann eine in Art und Höhe veränderte 20 Expression des HGPT-Gens und deren Auswirkung auf die Tocopherol-Biosyntheseleistung an Testpflanzen in Gewächshausversuchen getestet werden.

Gegenstand der Erfindung sind außerdem transgene Pflanzen, transformiert mit einer Expressionskassette enthaltend ein erfindungsgemäßes HGPT-Gen, sowie transgene Zellen, Gewebe, Teile und Vermehrungsgut solcher Pflanzen.

Bevorzugt sind dabei, wie vorstehend erwähnt, transgene Pflanzen, 30 wie beispielsweise Tagetes, Sonnenblume, Arabidopsis, Tabak, Roter Pfeffer, Soja, Tomate, Aubergine, Paprika, Möhre, Karotte, Kartoffel, Mais, Salate und Kohlarten, Getreide, Alfalfa, Hafer, Gerste, Roggen, Weizen, Triticale, Hirse, Reis, Luzerne, Flachs, Baumwolle, Hanf, Brassicaceen wie beispielsweise Raps oder 35 Canola, Zuckerrübe, Zuckerrohr, Nuß- und Weinspezies oder Holzgewächse wie beispielsweise Espe oder Eibe

Pflanzen im Sinne der Erfindung sind mono- und dikotyle Pflanzen.

40 Gegenstand der Erfindung sind weiterhin weitere photosynthetisch aktive Organismen transformiert mit einer Expressionskassette enthaltend ein erfindungsgemäßes HGPT-Gen.

Durch Überexpression der für eine erfindungsgemäße HGPT 45 kodierenden Gensequenz in einer Pflanze wird zusätzlich zum erhöhten Vitamin E-Gehalt eine erhöhte Resistenz gegenüber Inhibitoren der HGPT erreicht.

20

Der Erfindung betrifft daher einen erfindungsgemäßen genetisch veränderten Organismus, vorzugsweise eine erfindungsgemäß genetisch veränderte Pflanze die gegenüber Inhibitoren der Homogentisatphytyltransferase eine Resistenz aufweist.

5

Durch die vorliegende Erfindung gelingt es beispielsweise in transgenen Pflanzen die Aktivität der Homogentisatphytyltransferase (HGPT) durch Überexpression des erfindungsgemäßen HGPT-Gens zu erhöhen. Dies kann prinzipiell durch Expression 10 homologer oder heterologer HGPT-Gene erreicht werden.

In Beispiel 1 wird erstmals die Klonierung einer HGPT-DNA-Sequenz (SEQ-ID Nr. 1) aus *Synechocystis spec. PCC 6803* beschrieben. Um eine Plastidenlokalisierung zu gewährleisten wird der HGPT- 15 Nukleotidsequenz aus *Synechocystis* eine Transitsignalsequenz (Abb. 1-4) vorangestellt.

Das durch die zusätzliche Expression des HGPT-Gens nun vermehrt zur Verfügung stehende 2-Methyl-Phytylhydrochinon bzw. 2-Methyl- 20 Geranylgeranylhydrochinon wird weiter in Richtung Tocopherole und Tocotrienol umgesetzt (Abbildung 5).

Messungen an HGPT *Synechocystis* knock out Mutanten ergaben bezüglich des Gehaltes an Tocopherolen eine drastische Abnahme. 25 Dies belegt den direkten Einfluß der plastidären pflanzlichen HGPT auf die Synthese von Tocopherolen und Tocotrienolen.

Weitere Gegenstände der Erfindung sind:

30 - Verfahren zur Transformation einer Pflanze dadurch gekennzeichnet, daß man Expressionskassetten enthaltend ein erfindungsgemäßes HGPT-Gen in eine Pflanzenzelle oder Protoplasten von Pflanzen einbringt und diese zu ganzen Pflanzen regeneriert.

35 - Verwendung des erfindungsgemäßes HGPT-Gen zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Gehalt an Tocopherolen und/oder Tocotrienolen durch Expression einer HGPT DNA-Sequenz in Pflanzen.

40

Die Erfindung wird durch die nun folgenden Beispiele erläutert, ist aber nicht auf diese beschränkt:

45 Allgemeine Bedingungen:
Sequenzanalyse rekombinanter DNA

21

Die Sequenzierung rekombinanter DNA-Moleküle erfolgte mit einem Laserfluoreszenz-DNA-Sequenzer der Firma Licor (Vertrieb durch MWG Biotech, Ebersbach) nach der Methode von Sanger (Sanger et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74 (1977), 5463-5467).

5

Beispiel 1

Klonierung der Homogentisatphytyltransferase aus *Synechocystis* spec. PCC 6803.

10 Die DNA kodierend für den ORF slr1736 wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Synechocystis* spec. PCC 6803 gemäß der Methode nach Crispin A. Howitt (BioTechniques 21:32-34, July 1996) unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (slr17365' Abbildung 8, SEQ ID NO. 3) und eines antisense 15 spezifischen Primers (slr17363', Abbildung 9, SEQ ID NO. 4) amplifiziert.

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:
Die PCR erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz in dem enthalten
20 war:

- 5 µl einer *Synechocystis* spec. PCC 6803 Zellsuspension
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 1,5 mM Mg (OAc)₂
- 25 - 5 µg Rinderserum-Albumin
- 40 pmol slr17365'
- 40 pmol slr17363'
- 15 µl 3,3× rTth DNA Polymerase XLPuffer (PE Applied Biosystems)
- 30 - 5 U rTth DNA Polymerase XL (PE Applied Biosystems)

Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)
35 Schritt 2: 3 Sekunden 94°C
Schritt 3: 2 Minuten 48°C (Annealing)
Schritt 4: 2 Minuten 72°C (Elongation)
35 Wiederholungen der Schritte 2-4
Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)
40 Schritt 6: 4°C (Warteschleife)

Das Amplikon wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR Klonierungsvektor pGEM-T (Promega) kloniert. Die Identität des erzeugten Amplikons wurde durch Sequenzierung unter Verwendung des M13F (-40) Primers bestätigt.

Beispiel 2
Erzeugung einer slr1736 Knock out Mutante.

Ein DNA Konstrukt zur Erzeugung einer Deletionsmutante des ORF
5 slr1736 in *Synechocystis* spec. PCC 6803 wurde unter Anwendung
von Standard Klonierungstechniken erzeugt.

Der Vektor pGEM-T/slr1736 wurde unter Verwendung des Restriktionsenzyms HpaI verdaut. Durch diesen Verdau wird ein 348 Bp
10 umfassendes internes Fragment des slr1736 deletiert. In die HpaI Schnittstellen wurde anschließend die Aminoglycosid-3' Phosphotransferase des Transposons Tn903 kloniert. Dazu wurde das Tn903 als EcoR1 Fragment aus dem Vektor pUC4k (Vieira, J und Messing, J., Gene:19, 259-268, 1982) isoliert, die überstehenden Enden des
15 Restriktionsverdaus nach Standardmethoden in glatte Enden überführt und in den HpaI geschnittenen Vektor pGEM-T/slr1736 ligiert. Der Ligationsansatz wurde zur Transformation von *E.coli* X11 blue Zellen verwendet. Transformanden wurden durch Verwendung von Kanamycin und Ampicillin selektioniert. Ein rekombinantes
20 Plasmid (pGEM-T/slr1736::tn903, siehe Abb. 6) wurde isoliert und zur Transformation von *Synechocystis* spec. PCC 6803 gemäß der Methode nach Williams (Methods Enzymol. 167:776-778, 1987) eingesetzt.
25 Abbildung 6 zeigt ein Konstrukt zur Knock-out Mutagense des ORF slr1736 in *Synechocystis* spec. PCC 6803.

Synechocystis spec. PCC 6803 Transformanden wurden selektioniert auf Kanamycin haltigem (km) BG-11 Festmedium (Castenholz, Methods 30 in Enzymology, 68-93, 1988) bei 28°C und 30 µmol Photonen × (m² × s)⁻¹. Vier unabhängige Knock out Mutanten konnten nach fünf Selektionsrunden (Passagen von Einzelkolonien auf frisches BG-11 km Medium) erzeugt werden.

35 Der vollständige Verlust des slr1736 Endogens bzw. der Austausch gegen die rekombinante slr1736::tn903 DNA, wurde durch PCR Analysen bestätigt.

Beispiel 3
40 Vergleich der Tocopherolproduktion in *Synechocystis* spec. PCC 6803 Wildtypzellen und den erzeugten Knock out Mutanten des ORF slr1736

Die auf den BG-11 km Agarmedium kultivierten Zellen der vier 45 unabhängigen *Synechocystis* spec. PCC 6803 Knock out Mutanten des ORF slr1736 sowie untransformierte Wildtypzellen wurden zum Animpfen von Flüssigkulturen verwendet. Diese Kulturen wurden bei

23

28°C und 30 µmol Photonen × (m² × s)⁻¹ (30 µE) für ca. 3 Tage kultiviert. Nach Bestimmung der OD₇₃₀ der einzelnen Kulturen, wurde die OD₇₃₀ aller Kulturen durch entsprechende Verdünnungen mit BG-11 (Wildtypen) bzw. BG-11 km (Mutanten) synchronisiert.

5 Diese auf Zelldichte synchronisierten Kulturen wurden zum Animpfen von drei Kulturen pro Mutante bzw. der Wildtypkontrollen verwendet. Die biochemischen Analysen konnten somit unter Verwendung von jeweils drei unabhängig gewachsenen Kulturen einer Mutante und der entsprechenden Wildtypen durchgeführt werden.

10 Die Kulturen wurden bis zu einer optischen Dichte von OD₇₃₀=0,3 angezogen. Das Medium der Zellkultur wurde durch zweimalige Zentrifugation bei 14000 rpm in einer Eppendorf Tischzentrifuge entfernt. Der daran anschließende Aufschluß der Zellen erfolgte durch viermalige Inkubation im Eppendorfschüttler bei 30°C,

15 1000 rpm in 100 % Methanol für 15 Minuten, wobei die jeweils erhaltenen Überstände vereinigt wurden. Weitere Inkubations-schritte ergaben keine weitere Freisetzung von Tocopherolen oder Tocotrienolen.

20 Um Oxidation zu vermeiden, wurden die erhaltenen Extrakte direkt nach der Extraktion mit Hilfe einer Waters Alliance 2690 HPLC-Anlage analysiert. Tocopherole und Tocotrienole wurden über eine reverse Phase Säule(ProntoSil 200-3-C30, Bischoff) mit einer mobilen Phase von 100 % Methanol getrennt und anhand von

25 Standards (Merck) identifiziert. Als Detektionssystem diente die Fluoreszenz der Substanzen (Anregung 295 nm, Emission 320 nm), die mit Hilfe eines Jasco Fluoreszensdetektors FP 920 nachgewiesen wurde.

30 In den *Synechocystis* spec. PCC 6803 knock out Mutanten des ORF slr1736 konnten keine Tocopherole gefunden werden. Tocopherole wurden jedoch in den *Synechocystis* spec. PCC 6803 Wildtypzellen gemessen.

35 Der Verlust der Fähigkeit zur Produktion von Tocopherolen innerhalb der knock out Mutanten des ORF slr 1736 im Vergleich zu den *Synechocystis* spec. PCC 6803 Wildtypzellen zeigt, daß das Gen slr1736 für eine Homogentisatphytyltransferase kodiert.

40 Beispiel 4
Funktionelle Charakterisierung der Homogentisatphytyltransferase aus *Synechocystis* spec. PCC6803 durch heterologe Expression in *E.coli*.

45 Das hypothetische Protein slr1736 aus *Synechocystis* spec. PCC 6803 konnte durch funktionelle Expression in *E.coli* als Homogen-tisatphytyltransferase identifiziert werden.

24

Das aus *Synechocystis* spec. PCC 6803 amplifizierte Gen slr1736 wurde im korrekten Leserahmen in den Expressionsvektor pQE-30 (Qiagen) subkloniert. Die zur Amplifikation des OFR slr1736 aus *Synechocystis* spec. PCC 6803 verwendeten Primer slr17365' bzw. 5' slr17363' (SEQ.-ID Nr. 2 und 3) waren so konstruiert, daß an das 5' Ende und das 3' Ende des Amplikons BamH1 Restriktionsschnittstellen addiert wurden, siehe SEQ.-ID Nr. 1. Das slr1736 Fragment wurde unter Verwendung dieser flankierenden BamH1 Restriktions-schnittstellen aus dem rekombinanten Plasmid pGEM-T/slr1736 iso-10 liert und unter Anwendung von Standardmethoden in einen BamHI geschnittenen pQE-30 ligiert. Der Ligationsansatz wurde zur Transformation von M15 *E.coli* Zellen verwendet und Kanamycin und Ampicillin resistente Transformanden wurden analysiert. Die Kanamycin Resistenz wird durch das in den M15 Zellen ent-15 haltene pREP-4 Plasmid vermittelt. Ein rekombinantes Plasmid (pQE-30/slr1736) welches das slr1736 Fragment in der richtigen Orientierung trug, wurde isoliert. Die Identität und Orientierung des Inserts wurde durch Sequenzierung bestätigt.

20 Das rekombinante Plasmid pQE-30/slr1736 wurde zur Transformation von M15 *E.coli* Zellen verwendet, um rekombinantes slr1736 Protein zu erzeugen. Unter Verwendung einer aus der Transformation her-vorgegangenen Kolonie wurde eine Übernachtkultur in Luria Broth Medium mit 200 µg/ml Ampicillin (Amp) und 50 µg/ml Kanamycin (Km) 25 angeimpft. Ausgehend von dieser Kultur wurde am nächsten Morgen eine 100 ml Luria Broth Kultur (Amp/Km) angeimpft. Diese Kultur wurde bei 28°C auf einem Schüttelinkubator bis zum erreichen einer OD₆₀₀:0,35-0,4 inkubiert. Anschließend wurde die Produktion des rekombinanten Proteins durch Zugabe von 0,4 mM Isopropyl-30 β-D-thiogalaktopyranosid (IPTG) induziert. Die Kultur wurde für weitere 3 Stunden bei 28°C geschüttelt und die Zellen anschließend durch Zentrifugation bei 8000 g pelletiert.

Das Pellet wurde in 600 µl Lysispuffer (ca. 1-1,5 ml /g Pellet 35 Naßgewicht, 10 mM HEPES KOH pH 7,8, 5 mM Dithiothreinol (DTT), 0,24 M Sorbitol) resuspendiert. Anschließend wurde PMSF (Phenyl-methylsulfonat) zu einer Endkonzentration von 0,15 mM beigegeben und der Ansatz für 10 Minuten auf Eis gestellt. Der Aufschluß der Zellen erfolgte durch einen 10 Sekunden Ultraschall-Puls unter 40 Verwendung eines Ultraschallstabes. Nach Zugabe von Triton X100 (Endkonzentration 0,1 %) wurde die Zellsuspension für 30 Minuten auf Eis inkubiert. Der Ansatz wurde anschließend für 30 Minuten bei 25000 xg abzentrifugiert und der Überstand zum Assay ein- gesetzt.

Die Aktivitätsbestimmung der Homogentisatphytyltransferase erfolgt durch Nachweis von radioaktiv markierten 2-Methyl-phytylhydrochinon als Reaktionsprodukt.

5 Dazu wurden 235 µl des Enzyms (ca. 300-600 µg) zusammen mit 35 µl Phytyl-Pyrophosphat und 50 µl (1,2 nmol) ³H-Homogentisinsäure in folgendem Reaktionspuffer : 100 µl (250mM) Tricine-NaOH pH 7,6, 100 µl (1,25 mM) Sorbitol, 10 µl (50 mM) MgCl₂ und 20 µl (250 mM) Ascorbat für 4 Stunden bei 25°C inkubiert. Die Tritium markierte 10 Homogentisinsäure liegt in einer ethanolischen Lösung mit 1 mg Ascorbat/ml vor. Davon werden 50 µl eingeengt und der Puffer sowie das Enzym und das Phytyl-Pyrophosphat hinzugegeben.

Das Abstoppen der Reaktion erfolgte durch zweimalige Extraktion 15 des Ansatzes mit Ethylacetat. Die Ethylacetatphasen wurden eingeengt und die Rückstände in Methanol aufgenommen und auf eine Dünnschicht-Platte zur chromatographischen Trennung der Substanzen aufgetragen (feste Phase: HPTLC-Platten:Kieselgel 60 F₂₅₄ (Merk), flüssige Phase:Toluol). Der Nachweis des radio- 20 aktiv markierten Reaktionsproduktes erfolgt durch Verwendung eines Phosphoimagers.

Diese Experimente bestätigten, daß es sich bei dem durch das Gen slr1736 (SEQ-ID Nr.1) aus Synechocystis spec. PCC 6803 kodierte 25 Protein um eine Homogentisatphytyltransferase handelt, da es die enzymatische Aktivität zur Bildung von 2-Methyl-phytylhydrochinon aus Homogentisate und Phytyl-Pyrophosphat besitzt.

Beispiel 5

30 Herstellung von Expressionskassetten enthaltend das HGPT-Gen

Transgene Pflanzen wurden erzeugt, die die Homogentisatphytyltransferase aus Synechocystis spec. PCC 6803 zum einen unter Kontrolle des konstitutiven 35S-Promotor des CaMV (Blumenkohlmosaikvirus) (Franck et al., Cell 21: 285-294, 1980) und zum anderen unter Kontrolle des samenspezifischen Promotors des Legumin Gens aus *Vicia faba* (Kafatos et al., Nuc. Acid. Res., 14(6):2707-2720, 1986) exprimieren. Die Grundlage des zur konstitutiven Expression der Homogentisatphytyltransferase aus 35 Synechocystis spec. PCC 6803 erzeugten Plasmides war der pBinAR-TkTp-9 (Ralf Badur, Dissertation Universität Göttingen, 1998). Dieser Vektor ist ein Derivat des pBinAR (Höfgen und Willmitzer, Plant Sci. 66: 221-230, 1990) und enthält den 35S-Promotor des CaMV (Blumenkohlmosaikvirus) (Franck et al., 1980) das 40 Terminationssignal des Octopin-Synthase Gens (Gielen et al., EMBO J. 3: 835-846, 1984) sowie die für das Transitpeptid der Nicotiana tabacum plastidären Transketolase kodierenden DNA 45

26

Sequenz. Die unter Berücksichtigung des korrekten Leserasters erfolgte Klonierung der Homogentisatphytyltransferase aus *Synechocystis spec. PCC 6803* in diesen Vektor, erzeugt eine Translationsfusion der Homogentisatphytyltransferase mit dem 5 plastidären Transitpeptid. Dadurch erfolgt ein Transport des Transgens in die Plastiden.

Zur Erstellung dieses Plasmides wurde das Gen *slr1736* unter Verwendung der flankierenden BamHI Restriktionsschnittstellen aus 10 dem Plasmid pGEM-T/*slr1736* isoliert. Dieses Fragment wurde unter Anwendung von Standardmethoden in einen BamHI geschnittenen pBi-nAR-TkTp-9 ligiert (siehe Abbildung. 1) Dieses Plasmid (pBinAR-TkTp-9/*slr1736*) wurde zur Erzeugung transgener *Nicotiana tabacum* Pflanzen verwendet.

15 Fragment A (529 bp) in Abbildung 1 beinhaltet den 35S-Promotor des CaMV (Nukleotide 6909 bis 7437 des Blumenkohlmosaikvirus), Fragment B (245bp) Fragment kodiert für das Transitpeptid der *Nicotiana tabacum* Transketolase, Fragment C (944Bp) kodiert ORF 20 *slr1736* aus *Synechocystis spec. PCC 6803*, Fragment D (219Bp) kodiert für das Terminationssignal des Octopin-Synthase Gens.

Zur Erzeugung eines Plasmides, welches die samenspezifische Expression der Homogentisatphytyltransferase aus *Synechocystis spec. PCC 6803* in Pflanzen ermöglicht, wurde der samenspezifische Promotor des Legumin B4 Gens (Kafatos et al., Nuc. Acid. Res., 14(6):2707-2720, 1986) verwendet. Aus dem Plasmid pCR-Script/lePOCS wurde das 2,7 Kb Fragment des Legumin B4 Gen Promotors unter Verwendung der den Promotor 5' flankierenden 30 EcoR1 und der 3' flankierenden Kpn1 Schnittstellen isoliert. Das Plasmid pBinAR-TkTp-9/*slr1736* wurde ebenfalls mit den Restriktionsenzymen EcoR1 und Kpn1 behandelt. Dies hatte zur Folge, daß der 35S-Promotor des CaMV aus diesem Plasmid herausgetrennt wurde. Der Promotor des Legumin Gens wurde anschließend 35 als EcoR1/Kpn1 Fragment in diesen Vektor kloniert, wodurch ein Plasmid erzeugt wurde, welches die Expression des Gen *slr1736* unter die Kontrolle dieses samenspezifischen Promotors stellte, siehe Abbildung 2 . Dieses Plasmid (pBinARleP-TkTp-9/*slr1736*) wurde zur Erzeugung transgener *Nicotiana tabacum* Pflanzen ver- 40 wendet.

Fragment A (2700 bp) in Abbildung 2 beinhaltet den Promotor des Legumin B4 Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (245bp) kodiert für das Transitpeptid der *Nicotiana tabacum* Transketolase, Fragment C 45 (944Bp) kodiert für den ORF *slr1736* aus *Synechocystis spec. PCC 6803*, Fragment D (219Bp) für das Terminationssignal des Octopin-Synthase Gens.

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Homogentisatphytyltransferase aus *Synechocystis spec.* PCC 6803 in *A.thaliana* und *B.napus*.

5 Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung trans-
gener *A.thaliana* bzw. *B.napus* Pflanzen, die die Homogentisat-
phytyltransferase aus *Synechocystis spec.* PCC 6803 exprimieren,
wurden die Vektoren pPTVkan35S-IPP-Tp-90CS bzw. pPTVkanLeP-IPP-
Tp-10NOS verwendet. Diese Vektoren sind Derivate des pGPTVkan
10 (D.Becker, E. Kemper, J. Schell, R. Masterson. *Plant Molecular
Biology* 20: 1195-1197, 1992) denen das *uidA* Gen deletiert wurde.
Stattdessen enthält der pPTVkan35S-IPP-Tp-90CS den 35S-Promotor
des CaMV (Blumenkohlmosaikvirus) (Franck et al., 1980) die
Sequenz kodierend für das Transitpeptid der *A.thaliana* plastiden-
15 spezifischen Isopentenylpyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2) (Badur,
unveröffentlicht) und das Terminationssignal des Octopin-Synthase
Gens (Gielen et al., 1984)

Der Vektor pPTVkanLeP-IPP-Tp-10nos enthält den samenspezifischen
20 Promotor des Legumin B4 Gens (Kafatos et al., Nuc. Acid.
Res., 14(6):2707-2720, 1986), ebenfalls die Sequenz kodierend
für das Transitpeptid der *A.thaliana* plastiden-spezifischen
Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2) (Badur, unver-
öffentlicht) und das Terminationssignal der Nopalinsynthase aus
25 *A.tumefaciens* (Depicker et al., J. Mol. Appl. Genet. 1, 561-73,
1982).

Die DNA Moleküle kodierend für den ORF slr1736 aus *Synechocystis*
spec. PCC 6803 wurden als BamHI Fragmente mit durch die
30 T4-Polymerase aufgefüllten stumpfen Enden in die Vektoren
pPTVkan35S-IPP-Tp-90CS (Abb.3) bzw. pPTVkanLeP-IPP-Tp-10nos
(Abb.4) kloniert, wodurch eine Translationsfusion mit dem Trans-
itpeptid der IPP-2 erzeugt wurde. Somit konnte ein Import der
Homogentisatphytyltransferase in die Plastiden gewährleistet
35 werden.

Fragment A (529 bp) in Abbildung 3 beinhaltet den 35S-Promotor
des CaMV (Nukleotide 6909 bis 7437 des Blumenkohlmosaikvirus).
Fragment B (205bp) Fragment kodierend für das Transitpeptid
40 der *A.thaliana* Isopentenylpyrophosphat-Isomerase-2. Fragment C
(944 bp) ORF slr1736 aus *Synechocystis spec.* PCC 6803. Fragment D
(219Bp) Terminationssignal des Octopin-Synthase Gens.

Fragment A (2700 bp) in Abbildung 4 beinhaltet den Promotor
45 des Legumin B4 Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (206bp) Fragment
kodierend für das Transitpeptid der *A.thaliana* Isopentenylpyro-
phosphat-Isomerase-2., Fragment C (944Bp) kodiert für den ORF

slr1736 aus *Synechocystis* spec. PCC 6803. Fragment D (272Bp) für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens.

Beispiel 6

5 Herstellung transgener *Arabidopsis thaliana* Pflanzen

Wildtyp *Arabidopsis thaliana* Pflanzen (Columbia) wurden mit dem *Agrobacterium tumefaciens* Stamm (GV3101 [pMP90]) auf Grundlage einer modifizierten Vacuumfiltrationsmethode transformiert

10 (Steve Clough und Andrew Bent. Floral dip: a simplified method for *Agrobacterium* mediated transformation of *A. thaliana*. Plant J 16(6):735-43, 1998; der Bechtold, N. Ellis, J. und Pellier, G., in: *Planta Agrobacterium-mediated gene transfer by infiltration of adult *Arabidopsis thaliana* plants*. CRAcad Sci Paris, 1993, 15 1144(2):204-212). Die verwendeten *Agrobacterium tumefaciens* Zellen waren im Vorfeld mit den Plasmiden pPTVkan35SIPP-Tp9/slr1736 bzw. pPTVkanLePIPP-Tp9/slr1736 (Abbildung 3 und 4) transformiert worden.

20 Samen der Primärtransformanden wurden auf Grundlage der Antibiotikaresistenz selektiert. Antibiotika resistente Keimlinge wurden in Erde gepflanzt und als vollentwickelte Pflanzen zur biochemischen Analyse verwendet.

25 Beispiel 7

Herstellung transgener *Brassica napus* Pflanzen

Die Herstellung transgener Raps Pflanzen orientierte sich an einem Protokoll von Bade, J.B. und Damm, B. (in Gene Transfer

30 to Plants, Potrykus, I. und Spangenberg, G., eds, Springer Lab Manual, Springer Verlag, 1995, 30-38), in welchem auch die Zusammensetzung der verwendeten Medien und Puffer angegeben ist.

Die Transformationen erfolgten mit dem *Agrobacterium tumefaciens* Stamm GV3101 [pMP90]. Zur Transformation wurden die Plasmide pPTVkan35SIPP-Tp9/slr1736 bzw. pPTVkanLePIPP-Tp10/slr1736 verwendet (Abbildung 3 und 4). Samen von *Brassica napus* var. Westar wurden mit 70 % Ethanol (v/v) oberflächensteril gemacht, 10 Minuten bei 55°C in Wasser gewaschen, in 1 %iger Hypochlorit-Lösung (25 % v/v Teepol, 0,1 % v/v Tween 20) für 20 Minuten inkubiert und sechsmal mit steriles Wasser für jeweils 20 Minuten gewaschen. Die Samen wurden drei Tage auf Filterpapier getrocknet und 10-15 Samen in einem Glaskolben mit 15 ml Keimungsmedium zur Keimung gebracht. Von mehreren Keimlingen (ca. 10 cm groß) wurden die Wurzeln und Apices entfernt und die verbleibenden Hypokotyle in ca. 6 mm lange Stücke geschnitten. Die so gewonnenen ca. 600 Explantate wurden 30 Minuten mit 50 ml Basalmedium gewaschen und

29

in einem 300 ml Kolben überführt. Nach Zugabe von 100 ml Kallusinduktionsmedium wurden die Kulturen für 24 Stunden bei 100 U/min inkubiert.

5 Vom Agrobacterium Stamm wurde eine Übernachtkultur bei 29°C in Luria Broth-Medium mit Kanamycin (20 mg/l) angesetzt, davon 2 ml in 50 ml Luria Broth-Medium ohne Kanamycin für 4 Stunden bei 29°C bis zu einer OD₆₀₀ von 0,4-0,5 inkubiert. Nach der Pelletierung der Kultur bei 2000 U/min für 25 min wurde das Zellpellet in
10 25 ml Basalmedium resuspendiert. Die Konzentration der Bakterien in der Lösung wurde durch Zugabe von weiterem Basalmedium auf eine OD₆₀₀ von 0,3 eingestellt.

Aus den Raps-Explanten wurde das Kallus-Induktionsmedium mit
15 sterilen Pipetten entfernt, 50 ml Agrobakterium-Lösung hinzugefügt, vorsichtig gemischt und für 20 min inkubiert. Die Agrobakterien-Suspension wurde entfernt, die Raps-Explante für 1 min mit 50 ml Kallus-Induktionsmedium gewaschen und anschließend 100 ml Kallus-Induktionsmedium hinzugefügt. Die Co-Kultivierung
20 wurde für 24 h auf einem Rotiationsschüttler bei 100 U/min durchgeführt. Die Co-Kultivierung wurde durch Wegnahme des Kallus-Induktionsmediums gestoppt und die Explante zweimal für jeweils 1 min mit 25 ml und zweimal für 60 min mit jeweils 100 ml Waschmedium bei 100 U/min gewaschen. Das Waschmedium mit den Explanten
25 wurde in 15 cm Petrischalen überführt und das Medium mit sterilen Pipetten entfernt.

Zur Regeneration wurden jeweils 20-30 Explante in 90 mm Petrischalen überführt, welche 25 ml Sproß-Induktionsmedium mit
30 Kanamycin enthielten. Die Petrischalen wurden mit 2 Lagen Leukopor verschlossen und bei 25 °C und 2000 lux bei Photoperioden von 16 Stunden Licht/ 8 Stunden Dunkelheit inkubiert. Alle 12 Tage wurden die sich entwickelnden Kalli auf frische Petrischalen mit Sproß-Induktionsmedium umgesetzt. Alle weiteren
35 Schritte zur Regeneration ganzer Pflanzen wurden wie von Bade, J.B und Damm, B. (in: Gene Transfer to Plants, Potrykus, I. und Spangenberg, G., eds, Springer Lab Manual, Springer Verlag, 1995, 30-38) beschrieben durchgeführt.

40 Beispiel 8

Herstellung transgener *Nicotiana tabacum* Pflanzen.

Zehn ml YEB-Medium mit Antibiotikum (5 g/l Rinder-Extrakt, 1 g/l Hefe-Extrakt, 5 g/l Pepton, 5 g/l Saccharose und 2 mM MgSO₄.)
45 wurden mit einer Kolonie von *Agrobacterium tumefaciens* beimpft und über Nacht bei 28°C kultiviert. Die Zellen wurden 20 min bei 4°C, 3500 U/min in einer Tischzentrifuge pelletiert und danach in

30

frischem YEB-Medium ohne Antibiotika unter sterilen Bedingungen resuspendiert. Die Zellsuspension wurde für die Transformation eingesetzt.

5 Die Wildtyp-Pflanzen aus Sterilkultur wurden durch vegetative Replikation erhalten. Dazu wurde nur die Spitze der Pflanze abgeschnitten und auf frisches 2MS-Medium in ein steriles Einweckglas überführt. Vom Rest der Pflanze wurden die Haare auf der Blatt-oberseite und die Mittelrippen der Blätter entfernt. Die Blätter
10 wurden mit einer Rasierklinge in etwa 1cm² große Stücke geschnitten. Die Agrobakterienkultur wurde in eine kleine Petrischale überführt (Durchmesser 2 cm). Die Blattstücke wurden kurz durch diese Lösung gezogen und mit der Blattunterseite auf 2MS-Medium in Petrischalen (Durchmesser 9 cm) gelegt, so daß sie das
15 Medium berührten. Nach zwei Tagen im Dunkeln bei 25°C wurden die Explantate auf Platten mit Kallusinduktionsmedium überführt und in der Klimakammer auf 28°C temperiert. Das Medium mußte alle 7-10 Tage gewechselt werden. Sobald sich Kalli bildeten, wurden die Explantate in sterile Einweckgläser auf Sproßinduktionsmedium
20 mit Claforan (0,6 % BiTec-Agar (g/v), 2,0 mg/l Zeatinribose, 0,02 mg/l Naphtylessigsäure, 0,02 mg/l Gibberelinsäure, 0,25 g/ml Claforan, 1,6 % Glukose (g/v) und 50 mg/l Kanamycin) überführt. Nach etwa einem Monat trat Organogenese ein und die gebildeten Sprosse konnten abgeschnitten werden. Die Kultivierung der
25 Sprosse wurde auf 2MS-Medium mit Claforan und Selektionsmarker durchgeführt. Sobald sich ein kräftiger Wurzelballen gebildet hatte, konnten die Pflanzen in Pikiererde getopft werden.

Beispiel 9

30 Charakterisierung der transgenen Pflanzen.

Um zu bestätigen, daß durch die Expression der Homogentisat-phytyltransferase aus *Synechocystis* spec. PCC 6803 die Vitamin E Biosynthese in den transgenen Pflanzen beeinflußt wird, werden
35 die Tocopherol- und Tocotrienol-Gehalte in Blätter und Samen der mit den beschriebenen Konstrukten transformierten Pflanzen (*Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus* und *Nicotiana tabacum*) analysiert. Dazu werden die transgenen Pflanzen im Gewächshaus kultiviert und Pflanzen die das Gen kodierend für die Homogen-
40 tisatphytyltransferase aus *Synechocystis* spec. PCC 6803 exprimieren auf Northern-Ebene analysiert. In Blättern und Samen dieser Pflanzen wird der Tocopherolgehalt und der Tocotrienol-gehalt ermittelt. In allen Fällen ist die Tocopherol- bzw. Toco-
45 trienol-Konzentration in transgenen Pflanzen, die zusätzlich eine erfundungsgemäße Nukleinsäure exprimieren, im Vergleich zu nicht transformierten Pflanzen erhöht.

Patentansprüche

1. Protein, das eine enzymatische Aktivität zur Umwandlung von
5 Homogentisat und Phytyl-Pyrophosphat in 2-Methyl-Phytylhydro-
chinon aufweist.
2. Protein nach Anspruch 1, enthaltend die Aminosäuresequenz
SEQ ID NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution,
10 Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz,
die eine Homologie von mindestens 20 % auf Aminosäureebene
mit der Sequenz SEQ ID NO. 2 aufweist.
3. Nukleinsäure, codierend ein Protein gemäß einem der
15 Ansprüche 1 oder 2.
4. Nukleinsäure gemäß Anspruch 3, codierend ein Protein aus
Pflanzen, Cyanobakterien, Moose oder Algen.
- 20 5. Nukleinsäure nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, daß
sie aus der in SEQ ID NO 1 dargestellten Sequenz besteht.
6. Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend eine Nukleinsäure gemäß
einem der Ansprüche 3 bis 5, die mit einem oder mehreren
25 Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die
Transkription und Translation in prokaryontischen oder
eukaryontischen Organismen gewährleisten.
7. Nukleinsäurekonstrukt nach Anspruch 6, dadurch gekenn-
30 zeichnet, daß die Regulationssignale einen oder mehrere
Promotoren enthalten, die die Transkription und Translation
in prokaryontischen oder eukaryontischen Organismen gewähr-
leisten.
- 35 8. Genetisch veränderter Organismus, wobei die genetische
Veränderung die Genexpression einer Nukleinsäure gemäß einem
der Ansprüche 3 bis 5 gegenüber einem Wildtyp

für den Fall, daß der Ausgangsorganismus eine Nukleinsäure
40 gemäß einem der Ansprüche 3 bis 5 enthält, erhöht oder

für den Fall, daß der Ausgangsorganismus eine Nukleinsäure
gemäß einem der Ansprüche 3 bis 5 nicht enthält, verursacht.

9. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, daß der genetisch veränderte Organismus gegenüber dem Wildtyp einen erhöhten Vitamin E-Gehalt aufweist.
5
10. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, daß der genetisch veränderte Organismus gegenüber Inhibitoren der Homogentisatphytyltransferase eine Resistenz aufweist.
10
11. Genetisch veränderter Organismus nach einem der Ansprüche 8 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß man als Organismus einen eukaryontischen Organismus verwendet.
15 12. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 11, dadurch gekennzeichnet, daß man als eukaryontischen Organismus eine Pflanze verwendet.
20
13. Verwendung eines genetisch veränderten Organismus nach einem der Ansprüche 8 bis 12 zur Herstellung von Vitamin E oder zur Biotransformation von Homogentisatderivaten und Phytyl-Pyro-phosphat-Derivaten in 2-Methyl-Phytylhydrochinonderivate oder Homogentisatderivaten und Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Derivaten in 2-Methyl-geranylgeranylhydrochinonderivate.
25
14. Verfahren zur Herstellung von genetisch veränderten Organismen gemäß einem der Ansprüche 8 bis 12, dadurch gekennzeichnet, daß man eine Nukleinsäure gemäß einem der Ansprüche 3 bis 5 oder ein Nukleinsäurekonstrukt gemäß Anspruch 6 oder 7 in das Genom des Ausgangsorganismus einführt.
30
15. Verwendung der Nukleinsäure gemäß einem der Ansprüche 3 bis 5 oder der Nukleinsäurekonstrukte gemäß Anspruch 6 oder 7 zur Herstellung von genetisch veränderten Organismen.
35
16. Verwendung der Nukleinsäure gemäß einem der Ansprüche 3 bis 5 zur Expression in Organismen.
40 17. Verfahren zur Herstellung von Vitamin E, dadurch gekennzeichnet, daß man Homogentisatderivate und Phytyl-Pyrophosphat-Derivate in 2-Methyl-Phytylhydrochinonderivate oder Homogen-tisatderivate und Geranyl-Geranyl-Pyrophosphatderivate in 2-Methyl-geranylgeranylhydrochinonderivate in Gegenwart eines Proteins gemäß einem der Ansprüche 1 oder 2 überführt.
45

33

18. Verfahren nach Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß man einen Organismus gemäß einem der Ansprüche 8 bis 12 kultiert, den Organismus erntet und die Vitamin-E-Verbindungen anschließend aus dem Organismus isoliert.
5
19. Verfahren zur Biotransformation, dadurch gekennzeichnet, daß man Homogentisatderivate und Phytyl-Pyrophosphat-Derivate in 2-Methyl-Phytylhydrochinonderivate oder Homogentisatderivate und Geranyl-Geranyl-Pyrophosphatderivate in 2-Methyl-geranyl-
10 geranylhydrochinonderivate in Gegenwart eines Proteins gemäß einem der Ansprüche 1 oder 2 überführt.
20. Verfahren nach Anspruch 19, dadurch gekennzeichnet, daß das Protein in einem Organismus, in freier oder in immobilisierter Form vorliegt.
15
21. Verwendung des Proteins nach Anspruch 1 oder 2 als Homogen-tisatphytyltransferase.
- 20 22. Verwendung des Proteins nach Anspruch 1 oder 2 zur Umwandlung von Homogentisatderivaten und Phytyl-Pyrophosphat-Derivaten in 2-Methyl-Phytylhydrochinonderivate oder Homogentisat-
derivaten und Geranyl-Geranyl-Pyrophosphatderivaten in 2-Methyl-geranylgeranylhydrochinonderivate.
25
23. Verwendung des Proteins nach Anspruch 1 oder 2 oder der Nukleinsäure nach einem der Ansprüche 3 bis 5 zur Herstellung von Vitamin E.
- 30 24. Verwendung des Proteins nach Anspruch 1 oder 2 oder der Nukleinsäure nach einem der Ansprüche 3 bis 5 zur Herstellung von Vitamin E in transgenen Organismen.
25. Verwendung des Proteins nach Anspruch 1 oder 2 oder der Nukleinsäure nach einem der Ansprüche 3 bis 5 zur Herstellung von Vitamin E in transgenen Pflanzen.
35
26. Verwendung des Proteins nach Anspruch 1 oder 2 oder der Nukleinsäure nach einem der Ansprüche 3 bis 5 zur Herstellung von Antikörpern.
40
27. Verwendung des Proteins nach Anspruch 1 oder 2 oder der Nukleinsäure nach einem der Ansprüche 3 bis 5 als herbizides Target zum Auffinden von Inhibitoren der Homogen-tisatphytyl-transferase.
45

34

28. Verfahren zum Auffinden von Inhibitoren der Homogentisat-
phytyltransferase, dadurch gekennzeichnet, daß man die
enzymatische Aktivität der Homogentisatphytyltransferase
in Gegenwart einer chemischen Verbindung misst und bei
5 Erniedrigung der enzymatischen Aktivität im Vergleich zur
nicht gehemmten Aktivität die chemische Verbindung einen
Inhibitor darstellt.

29. Herbizide Wirkstoffe, erhältlich durch einen Verfahren gemäß
10 Anspruch 28.

15

20

25

30

35

40

45

Val Gly Leu Cys Gly Val Ala Ser Leu Ala Ile Ala Trp Gly Leu Gly
 100 105 110

ctt tgg ctg ggg cta acg gtg ggc att agt ttg att att ggc acg gcc 384
 Leu Trp Leu Gly Leu Thr Val Gly Ile Ser Leu Ile Ile Gly Thr Ala
 115 120 125

tat tcg gtg ccg cca gtg agg tta aag cgc ttt tcc ctg ctg gcg gcc 432
 Tyr Ser Val Pro Pro Val Arg Leu Lys Arg Phe Ser Leu Leu Ala Ala
 130 135 140

ctg tgt att ctg acg gtg cggt gga att gtg gtt aac ttg ggc tta ttt 480
 Leu Cys Ile Leu Thr Val Arg Gly Ile Val Val Asn Leu Gly Leu Phe
 145 150 155

tta ttt ttt aga att ggt tta ggt tat ccc ccc act tta ata acc ccc 528
 Leu Phe Phe Arg Ile Gly Leu Gly Tyr Pro Pro Thr Leu Ile Thr Pro
 160 165 170 175

atc tgg gtt ttg act tta ttt atc tta gtt ttc acc gtg gcg atc gcc 576
 Ile Trp Val Leu Thr Leu Phe Ile Leu Val Phe Thr Val Ala Ile Ala
 180 185 190

att ttt aaa gat gtg cca gat atg gaa ggc gat cgg caa ttt aag att 624
 Ile Phe Lys Asp Val Pro Asp Met Glu Gly Asp Arg Gln Phe Lys Ile
 195 200 205

caa act tta act ttg caa atc ggc aaa caa aac gtt ttt cgg gga acc 672
 Gln Thr Leu Thr Leu Gln Ile Gly Lys Gln Asn Val Phe Arg Gly Thr
 210 215 220

tta att tta ctc act ggt tgt tat tta gcc atg gca atc tgg ggc tta 720
 Leu Ile Leu Leu Thr Gly Cys Tyr Leu Ala Met Ala Ile Trp Gly Leu
 225 230 235

tgg gcg gct atg cct tta aat act gct ttc ttg att gtt tcc cat ttg 768
 Trp Ala Ala Met Pro Leu Asn Thr Ala Phe Leu Ile Val Ser His Leu
 240 245 250 255

tgc tta tta gcc tta ctc tgg tgg cggt agt cga gat gta cac tta gaa 816
 Cys Leu Leu Ala Leu Leu Trp Trp Arg Ser Arg Asp Val His Leu Glu
 260 265 270

agc aaa acc gaa att gct agt ttt tat cag ttt att tgg aag cta ttt 864
 Ser Lys Thr Glu Ile Ala Ser Phe Tyr Gln Phe Ile Trp Lys Leu Phe
 275 280 285

tcc tta gag tac ttg ctg tat ccc ttg gct ctg tgg tta cct aat ttt 912
 Phe Leu Glu Tyr Leu Leu Tyr Pro Leu Ala Leu Trp Leu Pro Asn Phe
 290 295 300

Figure 1

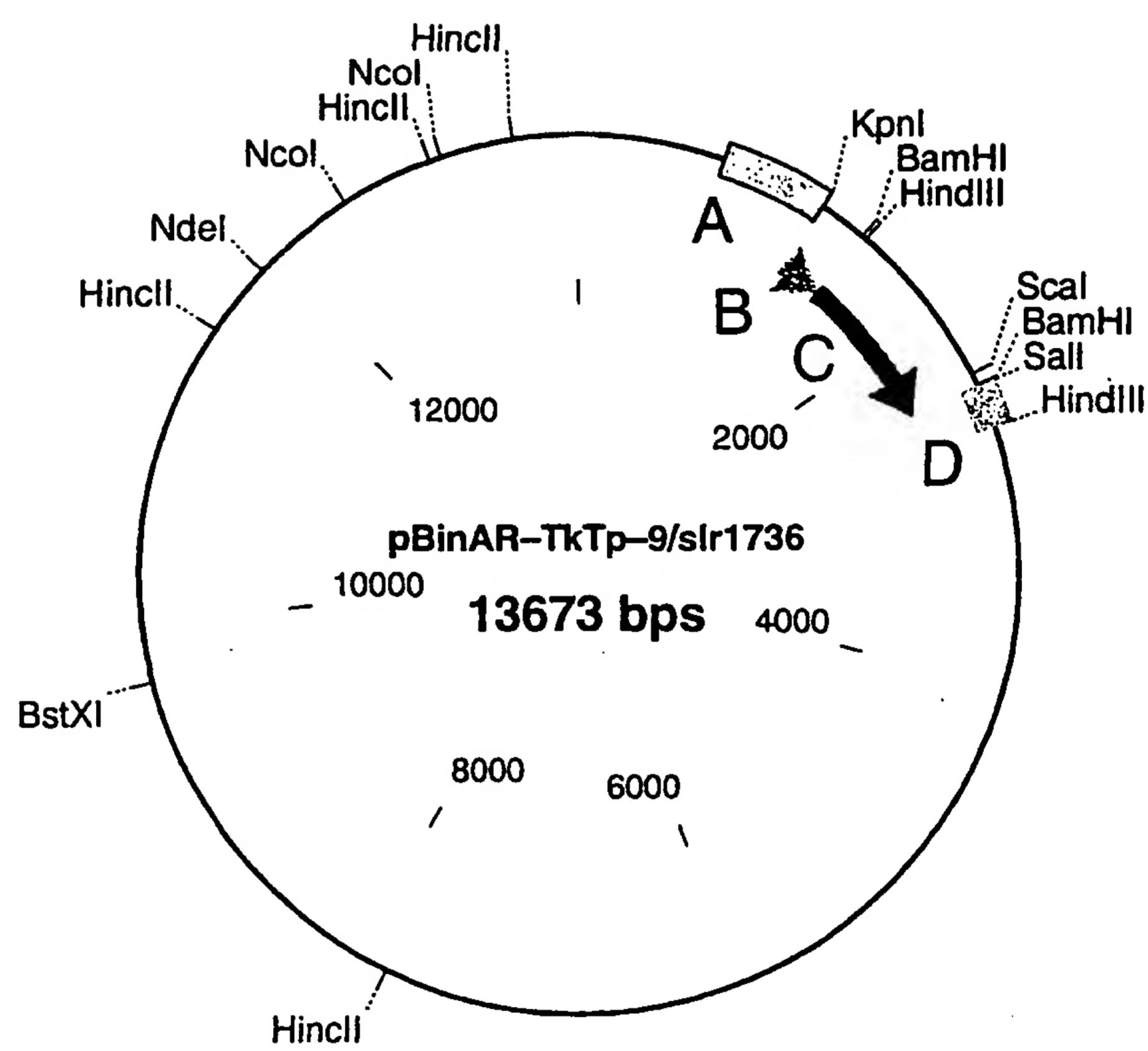


Figure 2

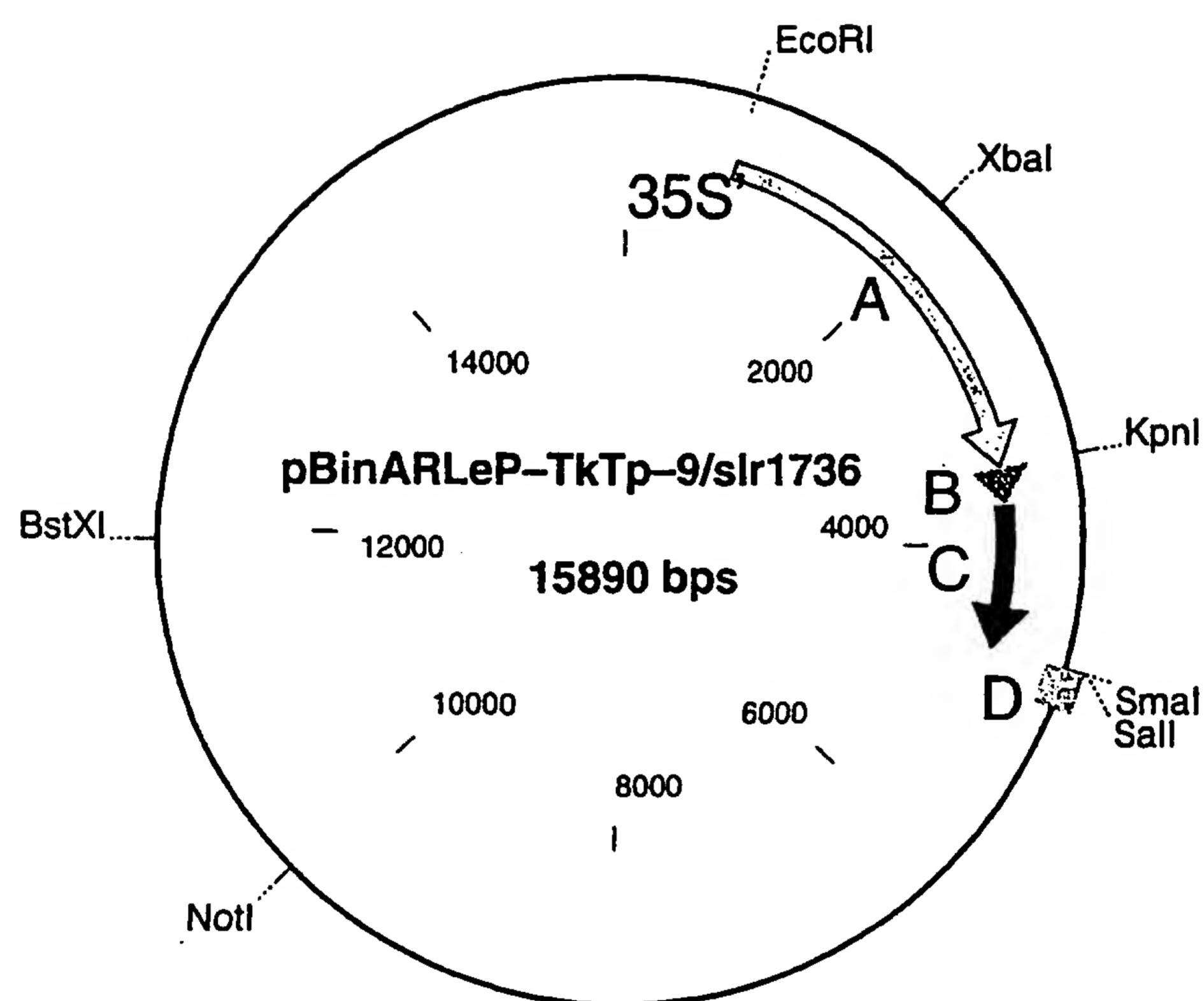


Figure 3

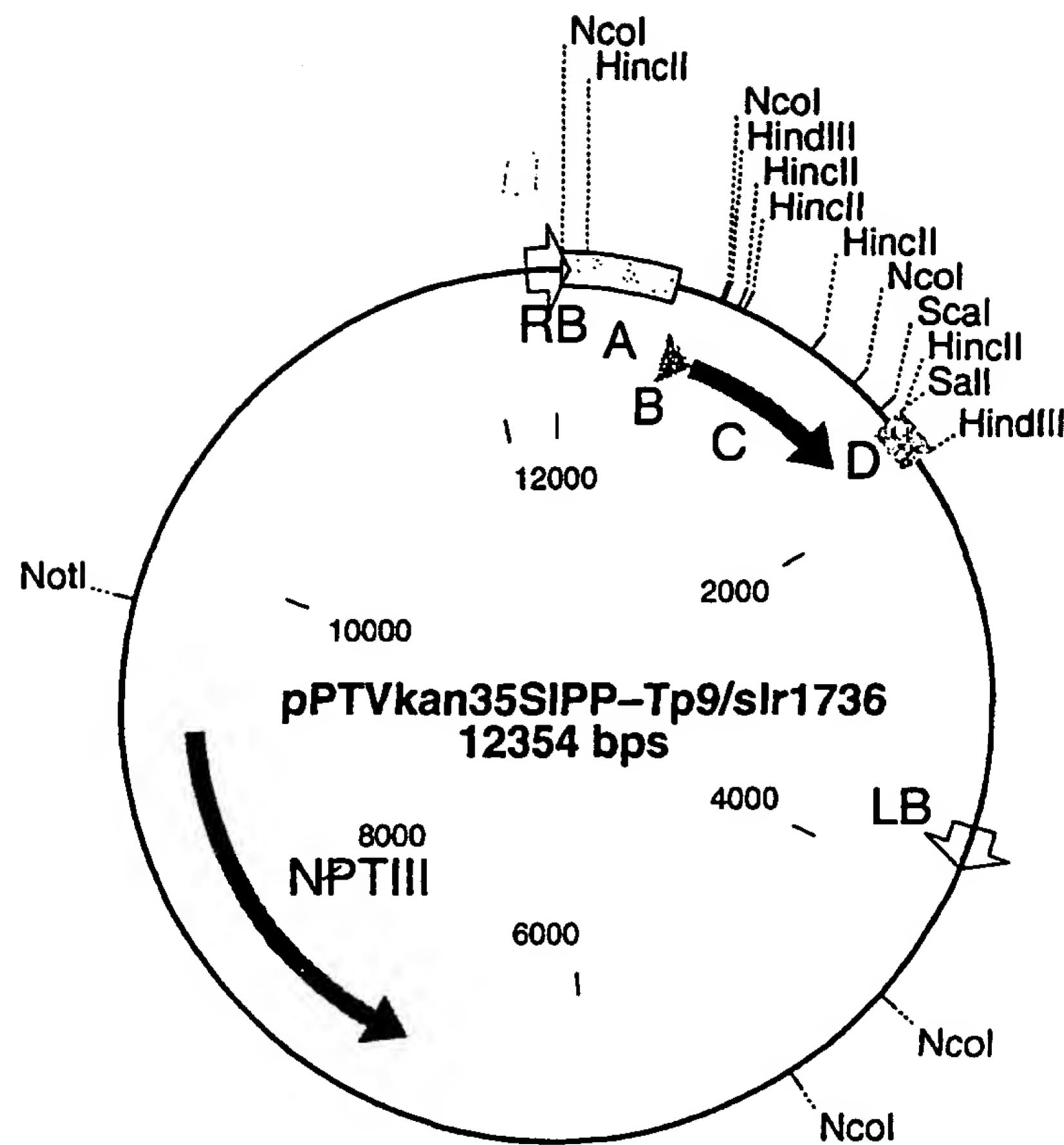
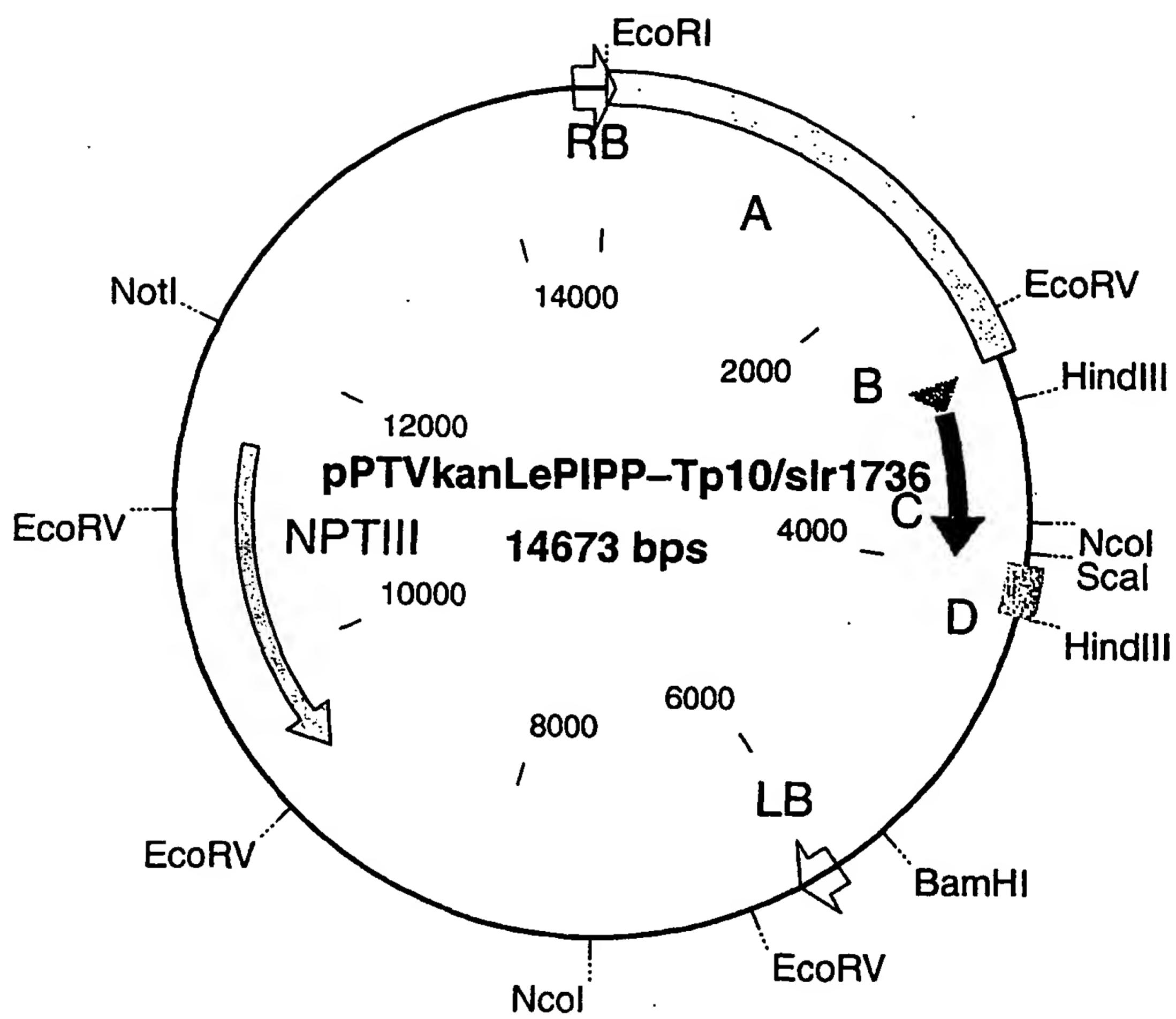


Figure 4



Figur 5

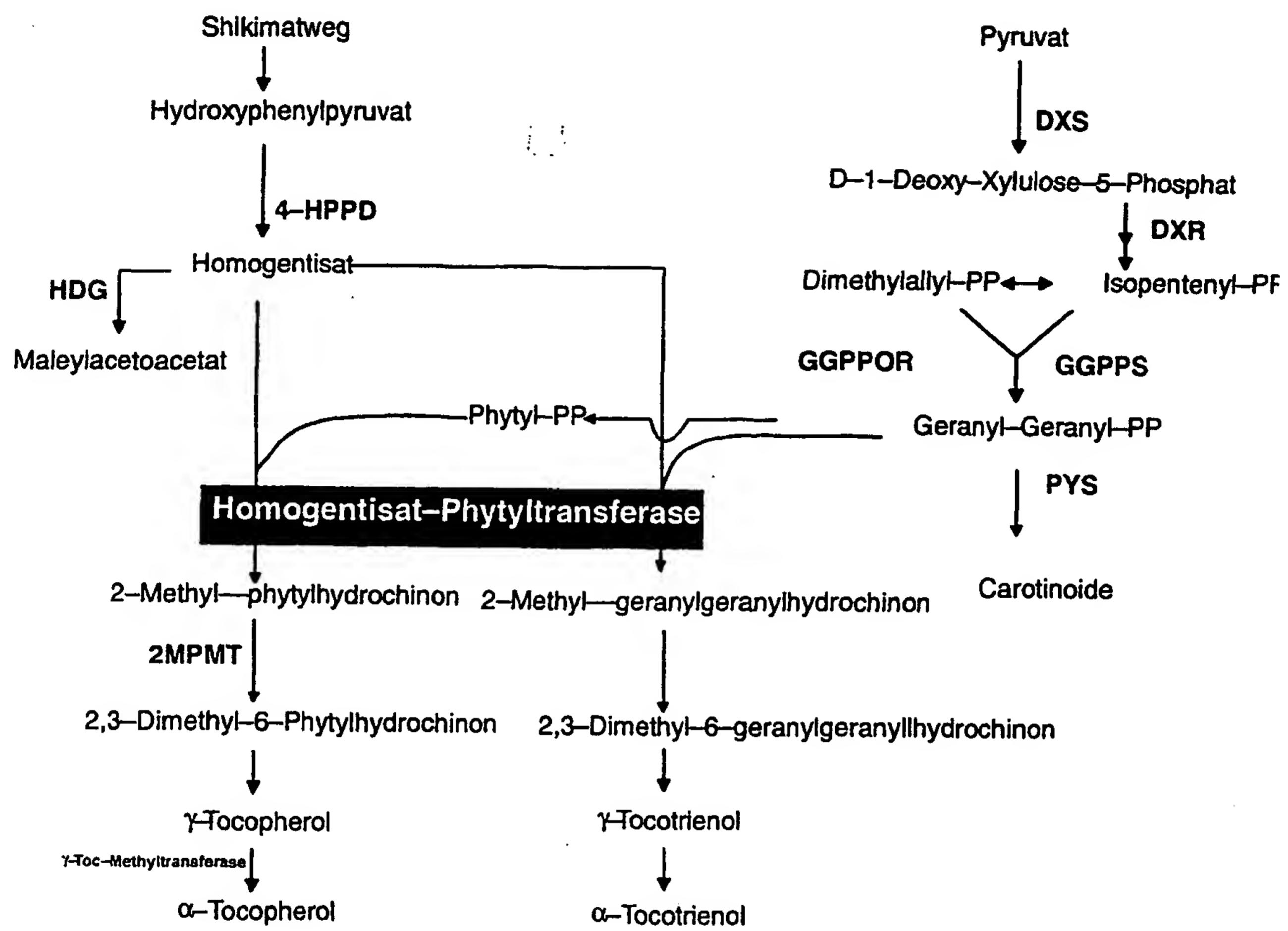
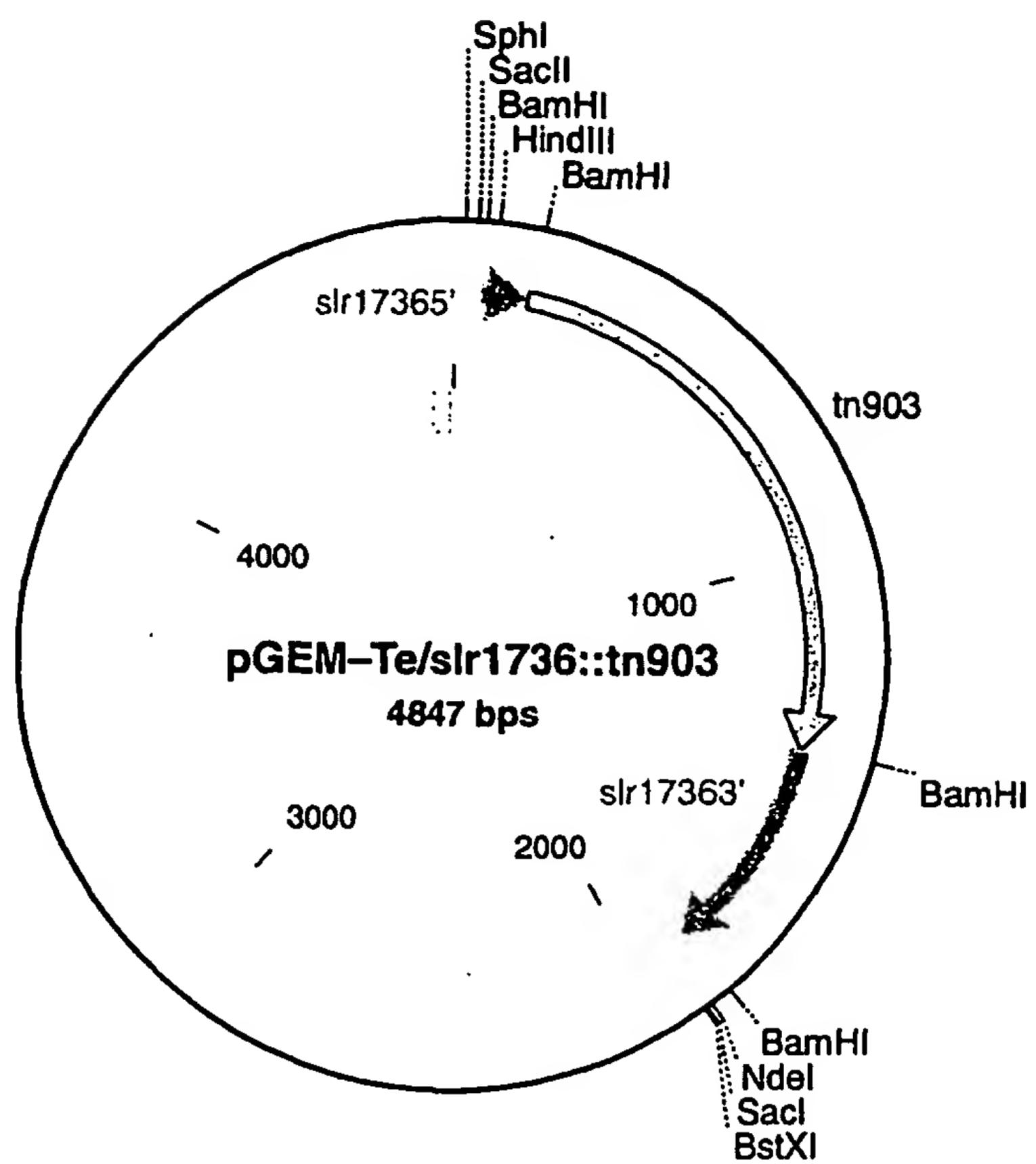


Figure 6



Figur 7**Sequenz Beschreibung: slr1736****Sequenz Charakteristiken:****Länge: 944 Bp****Typ: Nukleinsäure****Topologie: linear****Beschreibung: ORF des hypothetischen Proteins slr1736 aus *Synechocystis spec. PCC 6803*****Großbuchstaben: Sequenz des ORF slr1736****Kleinbuchstaben: durch PCR addierte BamHI Restriktionsschnittstellen**

```
ggatccGCCATGGCAACTATCCAAGCTTTGGCGCTTCTCCGCCCCATACCATCATGGTACAACCTGTAGCGTCTG  
GGCTGTGTATCTGTTAATCTCGGGATGGAAACTCAGTTAACCTCCCTGCTCCCTGGATTAGTGTTCGGCGCTT  
GGCTGGCCTGCCTGTTGGTAATGTGTACATTGTCGGCTCAACCAATTGTGGATGTGGACATTGACCGCATCAATAAG  
CCGAATTGCCCCTAGCTAACGGAGATTTCTATGCCAGGGCCGTTGGATGTGGACTTGTGGCGTTGCTTCCTT  
GGCGATCGCCTGGGATTAGGGCTATGGCTGGGCTAACGGTGGCATTAGTTGATTATGGCACGGCTATCGGTGC  
CGCCAGTGAGGTTAAAGCGCTTCCCTGCTGGCGCCCTGTGTATTCTGACGGTGCAGGGAAATTGTGGTTAACCTGGC  
TTATTTTATTTTAAAGATTGGTTAGGTTATCCCCCCTTTAATAACCCCATCTGGTTTGACTTTATTTATCTT  
AGTTTCACCGTGGCGATGCCATTAAAGATGTGCCAGATATGGAAGGCATGGCAATTAAAGATTCAAACCTTAA  
CTTGCAAATCGGCAAACAAAACGTTTCGGGAACCTTAATTACTCACTGGTTGTTATTAGCCATGGCAATCTGG  
GGCTTATGGCGGCATGCCTTAAATACTGCTTCTGATTGTTCCATTGTGCTTATTAGCCTTACTCTGGTGGCG  
GAGTCGAGATGTACACTTAGAAAGCAAACCGAAATTGCTAGTTTATCAGTTATTGGAAGCTATTCTTAGAGT  
ACTTGCTGTATCCCTGGCTGTGGTACCTAATTCTAATACTATTAGGGggatcc
```

Figur 8

Sequenz Beschreibung: slr17365'

Sequenz Charakteristiken:

Länge: 26 Bp

Typ: Nukleinsäure

Topologie: linear

Beschreibung: Oligonukleotid

5' -GGATCCGCCATGGCAACTATCCAAGC -3'

Figur 9

Sequenz Beschreibung: slr17363'

Sequenz Charakteristiken:

Länge: 25 Bp

Typ: Nukleinsäure

Topologie: linear

Beschreibung: Oligonukleotid

5' -GGATCCCCCTAAAAAATAGTATTAG -3'

1
SEQUENZPROTOKOLL

<110> SunGene GmbH & Co KgaA

<120> Homogentisatphytyltransferase

<130> 0817/00012

<140>

<141>

<160> 4

<170> PatentIn Vers. 2.0

<210> 1

<211> 932

<212> DNA

<213> Synechocystis PCC6803

<220>

<221> CDS

<222> (4)...(930)

<400> 1

gcc atg gca act atc caa gct ttt tgg cgc ttc tcc cgc ccc cat acc 48
Met Ala Thr Ile Gln Ala Phe Trp Arg Phe Ser Arg Pro His Thr
1 5 10 15

atc att ggt aca act ctg agc gtc tgg gct gtg tat ctg tta act att 96
Ile Ile Gly Thr Thr Leu Ser Val Trp Ala Val Tyr Leu Leu Thr Ile
20 25 30

ctc ggg gat gga aac tca gtt aac tcc cct gct tcc ctg gat tta gtg 144
Leu Gly Asp Gly Asn Ser Val Asn Ser Pro Ala Ser Leu Asp Leu Val
35 40 45

tcc ggc gct tgg ctg gcc tgc ctg ttg ggt aat gtg tac att gtc ggc 192
Phe Gly Ala Trp Leu Ala Cys Leu Leu Gly Asn Val Tyr Ile Val Gly
50 55 60

ctc aac caa ttg tgg gat gtg gac att gac cgc atc aat aag ccg aat 240
Leu Asn Gln Leu Trp Asp Val Asp Ile Asp Arg Ile Asn Lys Pro Asn
65 70 75

ttg ccc cta gct aac gga gat ttt tct atc gcc cag ggc cgt tgg att 288
Leu Pro Leu Ala Asn Gly Asp Phe Ser Ile Ala Gln Gly Arg Trp Ile
80 85 90 95

gtg gga ctt tgt ggc gtt gct tcc ttg gcg atc gcc tgg gga tta ggg 336

The PTO did not receive the following
listed item(s). Pf - 29-seg. 15417

tct aat act att ttt tag gg 932
 Ser Asn Thr Ile Phe
 305

<210> 2
 <211> 308
 <212> PRT
 <213> Synechocystis PCC6803

<400> 2

Met	Ala	Thr	Ile	Gln	Ala	Phe	Trp	Arg	Phe	Ser	Arg	Pro	His	Thr	Ile
1					5				10					15	

Ile Gly Thr Thr Leu Ser Val Trp Ala Val Tyr Leu Leu Thr Ile Leu
 20 25 30

Gly Asp Gly Asn Ser Val Asn Ser Pro Ala Ser Leu Asp Leu Val Phe
 35 40 45

Gly Ala Trp Leu Ala Cys Leu Leu Gly Asn Val Tyr Ile Val Gly Leu
 50 55 60

Asn Gln Leu Trp Asp Val Asp Ile Asp Arg Ile Asn Lys Pro Asn Leu
 65 70 75 80

Pro Leu Ala Asn Gly Asp Phe Ser Ile Ala Gln Gly Arg Trp Ile Val
 85 90 95

Gly Leu Cys Gly Val Ala Ser Leu Ala Ile Ala Trp Gly Leu Gly Leu
 100 105 110

Trp Leu Gly Leu Thr Val Gly Ile Ser Leu Ile Ile Gly Thr Ala Tyr
 115 120 125

Ser Val Pro Pro Val Arg Leu Lys Arg Phe Ser Leu Leu Ala Ala Leu
 130 135 140

Cys Ile Leu Thr Val Arg Gly Ile Val Val Asn Leu Gly Leu Phe Leu
 145 150 155 160

Phe Phe Arg Ile Gly Leu Gly Tyr Pro Pro Thr Leu Ile Thr Pro Ile
 165 170 175

Trp Val Leu Thr Leu Phe Ile Leu Val Phe Thr Val Ala Ile Ala Ile
 180 185 190

Phe Lys Asp Val Pro Asp Met Glu Gly Asp Arg Gln Phe Lys Ile Gln
 195 200 205

Thr Leu Thr Leu Gln Ile Gly Lys Gln Asn Val Phe Arg Gly Thr Leu
210 215 220

Ile Leu Leu Thr Gly Cys Tyr Leu Ala Met Ala Ile Trp Gly Leu Trp
225 230 235 240

Ala Ala Met Pro Leu Asn Thr Ala Phe Leu Ile Val Ser His Leu Cys
245 250 255

Leu Leu Ala Leu Leu Trp Trp Arg Ser Arg Asp Val His Leu Glu Ser
260 265 270

Lys Thr Glu Ile Ala Ser Phe Tyr Gln Phe Ile Trp Lys Leu Phe Phe
275 280 285

Leu Glu Tyr Leu Leu Tyr Pro Leu Ala Leu Trp Leu Pro Asn Phe Ser
290 295 300

Asn Thr Ile Phe
305

<210> 3

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(26)

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz:Primer

<400> 3

ggatccgcca tggcaactat ccaagc

26

<210> 4

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(25)

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz:Primer

WO 01/62781

PCT/EP01/01720

5

<400> 4

ggatccccct aaaaaatagt attag

25